



IN THE UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE

In re Patent Application of )  
Anne FOURNILLIER et al. ) Group Art Unit: 1648  
Application No.: 10/559,431 ) Examiner: Bao Q. Li  
Filed: March 15, 2006 ) Confirmation No.: 1577  
For: COMPOSITION COMPRISING THE )  
POLYPROTEIN NS3/NS4 AND THE )  
POLYPEPTIDE NS5B OF HCV, )  
EXPRESSION VECTORS INCLUDING )  
THE CORRESPONDING NUCLEIC )  
SEQUENCES AND THEIR )  
THERAPEUTIC USE )

SUBMISSION OF CERTIFIED COPY OF PRIORITY DOCUMENT

Commissioner for Patents  
P.O. Box 1450  
Alexandria, VA 22313-1450

Sir:

The benefit of the filing date of the following priority foreign application in the following foreign country is hereby requested, and the right of priority provided in 35 U.S.C. § 119 is hereby claimed.

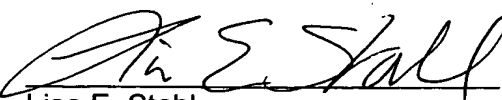
Country: France  
Patent Application No.: 03/06772  
Filed: June 5, 2003

In support of this claim, enclosed is a certified copy of said foreign application. Said prior foreign application is referred to in the oath or declaration and/or the Application Data Sheet. Acknowledgement of receipt of the certified copy is requested.

Respectfully submitted,

BUCHANAN INGERSOLL & ROONEY PC

Date: April 24, 2008

By:   
Lisa E. Stahl  
Registration No. 56,704

P.O. Box 1404  
Alexandria, VA 22313-1404  
703 836 6620



# Brevet d'invention

Certificat d'utilité

COPIE CERTIFIÉE CONFORME

Le Directeur général de l'Institut national de la propriété industrielle  
certifie que le titre de propriété industrielle, correspondant à la  
demande ci-annexée, a été délivré le **22 JUL. 2005**

Fait à Paris, le **21 MARS 2008**

Pour le Directeur général de l'Institut  
national de la propriété industrielle  
Le Chef du département des brevets

A handwritten signature in black ink, which appears to read 'M. Planche', is written over a horizontal line.

Martine PLANCHE



26 bis, rue de Saint Pétersbourg - 75800 Paris Cedex 08

Pour vous informer : INPI DIRECT

N° Indigo 0 825 83 85 87

0,15 € TTC/mn

Télécopie : 33 (0)1 53 04 52 65

Réservé à l'INPI

# BREVET D'INVENTION CERTIFICAT D'UTILITÉ

Code de la propriété intellectuelle - Livre VI

cerfa  
N° 11354\*03

## REQUÊTE EN DÉLIVRANCE page 1/2

BR1

Cet imprimé est à remplir lisiblement à l'encre noire

DB 540 @ W / 030103

REMISE DES PIÈCES DATE 69 INPI LYON LIEU 0306772 N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI DATE DE DÉPÔT ATTRIBUÉE PAR L'INPI 05 JUIN 2003		<b>1 NOM ET ADRESSE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE À QUI LA CORRESPONDANCE DOIT ÊTRE ADRESSÉE</b> bioMérieux A l'attention de Valérie BITAUD Chemin de l'Orme 69280 Marcy l'Etoile	
<b>Vos références pour ce dossier (facultatif) ADENOVIR</b>			
<b>Confirmation d'un dépôt par télécopie</b>		<input type="checkbox"/> N° attribué par l'INPI à la télécopie	
<b>2 NATURE DE LA DEMANDE</b>		<b>Cochez l'une des 4 cases suivantes</b>	
Demande de brevet		<input checked="" type="checkbox"/>	
Demande de certificat d'utilité		<input type="checkbox"/>	
Demande divisionnaire		<input type="checkbox"/>	
Demande de brevet initiale		N° _____ Date _____	
ou demande de certificat d'utilité initiale		N° _____ Date _____	
Transformation d'une demande de brevet européen <i>Demande de brevet initiale</i>		<input type="checkbox"/> N° _____ Date _____	
<b>3 TITRE DE L'INVENTION (200 caractères ou espaces maximum)</b> Composition comprenant la polyprotéine NS3/NS4 et le polypeptide NS5b du VHC, vecteurs d'expression incluant les séquences nucléiques correspondantes et leur utilisation en thérapeutique			
<b>4 DÉCLARATION DE PRIORITÉ OU REQUÊTE DU BÉNÉFICE DE LA DATE DE DÉPÔT D'UNE DEMANDE ANTÉRIEURE FRANÇAISE</b>		Pays ou organisation _____ N° _____ Date _____ Pays ou organisation _____ N° _____ Date _____ Pays ou organisation _____ N° _____ <input type="checkbox"/> S'il y a d'autres priorités, cochez la case et utilisez l'imprimé «Suite»	
<b>5 DEMANDEUR (Cochez l'une des 2 cases)</b>		<input checked="" type="checkbox"/> Personne morale <input type="checkbox"/> Personne physique	
Nom ou dénomination sociale		bioMérieux	
Prénoms			
Forme juridique		S.A.	
N° SIREN		6 7 3 6 2 0 3 9 9	
Code APE-NAF			
Domicile ou siège	Rue	Chemin de l'Orme	
	Code postal et ville	6 9 2 8 0 Marcy l'Etoile	
	Pays	France	
Nationalité		Française	
N° de téléphone (facultatif)		04.78.87.52.53 N° de télécopie (facultatif) 04.78.87.21.16	
Adresse électronique (facultatif)		anneloes.tuzet@eu.biomerieux.com	
		<input checked="" type="checkbox"/> S'il y a plus d'un demandeur, cochez la case et utilisez l'imprimé «Suite»	

Remplir impérativement la 2<sup>ème</sup> page

**BREVET D'INVENTION  
CERTIFICAT D'UTILITÉ**

**REQUÊTE EN DÉLIVRANCE**  
page 2/2

**BR2**

5 JUIN 2009 réserve à l'INPI  
REMISE DES PIÈCES  
DATE **69 INPI LYON**  
LIEU **0306772**  
N° D'ENREGISTREMENT  
NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI

DB 540 W / 210502

<b>6 MANDATAIRE (s'il y a lieu)</b>	
Nom	BITAUD
Prénom	Valérie
Cabinet ou Société	bioMérieux
N °de pouvoir permanent et/ou de lien contractuel	PG 10872
Adresse	Rue
	Code postal et ville
	Pays
N° de téléphone (facultatif)	04.78.87.23.19
N° de télécopie (facultatif)	04.78.87.21.16
Adresse électronique (facultatif)	valerie.bitaud@eu.biomerieux.com
<b>7 INVENTEUR (S)</b>	
Les inventeurs sont nécessairement des personnes physiques	
Les demandeurs et les inventeurs sont les mêmes personnes	<input type="checkbox"/> Oui <input checked="" type="checkbox"/> Non : Dans ce cas remplir le formulaire de Désignation d'inventeur(s)
<b>8 RAPPORT DE RECHERCHE</b>	
Uniquement pour une demande de brevet (y compris division et transformation)	
Établissement immédiat ou établissement différé	<input checked="" type="checkbox"/> <input type="checkbox"/>
Paiement échelonné de la redevance (en deux versements)	Uniquement pour les personnes physiques effectuant elles-mêmes leur propre dépôt <input type="checkbox"/> Oui <input type="checkbox"/> Non
<b>9 RÉDUCTION DU TAUX DES REDEVANCES</b>	
Uniquement pour les personnes physiques <input type="checkbox"/> Requête pour la première fois pour cette invention (joindre un avis de non-imposition) <input type="checkbox"/> Obtenue antérieurement à ce dépôt pour cette invention (joindre une copie de la décision d'admission à l'assistance gratuite ou indiquer sa référence): AG <input type="text"/>	
<b>10 SÉQUENCES DE NUCLEOTIDES ET/OU D'ACIDES AMINÉS</b>	
<input checked="" type="checkbox"/> Cochez la case si la description contient une liste de séquences	
Le support électronique de données est joint	<input checked="" type="checkbox"/>
La déclaration de conformité de la liste de séquences sur support papier avec le support électronique de données est jointe	<input checked="" type="checkbox"/>
Si vous avez utilisé l'imprimé «Suite», indiquez le nombre de pages jointes	
<b>11 SIGNATURE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE (Nom et qualité du signataire)</b>	
Valérie BITAUD PG 10872 Ingénieur Brevets	
VISA DE LA PRÉFECTURE OU DE L'INPI M. CUEZ	

**REQUÊTE EN DÉLIVRANCE**


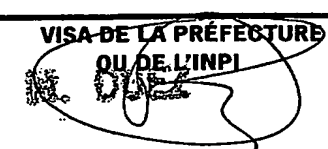
Page suite N° 1... / 1...

**BR/suite**

5 JUIN 2003 Reservé à l'INPI  
REMISE DES PIÈCES  
DATE **69 INPI LYON**  
LIEU  
**0306772**  
N° D'ENREGISTREMENT  
NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI

Cet imprimé est à remplir lisiblement à l'encre noire

DB 829 @ W / 210103

<b>Vos références pour ce dossier (facultatif)</b>		<b>ADENOVIR</b>	
<b>4 DÉCLARATION DE PRIORITÉ OU REQUÊTE DU BÉNÉFICE DE LA DATE DE DÉPÔT D'UNE DEMANDE ANTÉRIEURE FRANÇAISE</b>		Pays ou organisation	
		Date	_____ N°
		Pays ou organisation	
		Date	_____ N°
		Pays ou organisation	
		Date	_____ N°
<b>5 DEMANDEUR (Cochez l'une des 2 cases)</b>		<input checked="" type="checkbox"/> <b>Personne morale</b> <input type="checkbox"/> <b>Personne physique</b>	
Nom ou dénomination sociale		Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale (I.N.S.E.R.M.)	
Prénoms			
Forme juridique			
N° SIREN		_____	
Code APE-NAF		_____	
Domicile ou siège	Rue	101, rue de Tolbiac	
	Code postal et ville	[7] [5] [6] [5] [4] Paris CEDEX 13	
	Pays	France	
Nationalité		Française	
N° de téléphone (facultatif)			
N° de télécopie (facultatif)			
Adresse électronique (facultatif)			
<b>5 DEMANDEUR (Cochez l'une des 2 cases)</b>		<input type="checkbox"/> <b>Personne morale</b> <input type="checkbox"/> <b>Personne physique</b>	
Nom ou dénomination sociale			
Prénoms			
Forme juridique			
N° SIREN		_____	
Code APE-NAF		_____	
Domicile ou siège	Rue		
	Code postal et ville	_____	
	Pays		
Nationalité			
N° de téléphone (facultatif)			
N° de télécopie (facultatif)			
Adresse électronique (facultatif)			
<b>11 SIGNATURE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE (Nom et qualité du signataire)</b>		<b>VISA DE LA PRÉFECTURE OU DE L'INPI</b>  	
Valérie BITAUD PG 10872 Ingénieur Brevets			

La présente invention concerne le domaine de la vaccination prophylactique et thérapeutique dirigée contre le virus de l'hépatite C (VHC). Elle a notamment pour objet une nouvelle composition contenant une polyprotéine correspondant aux deux protéines colinéaires NS3 et NS4 (appelée ci-après polyprotéine NS3/NS4) et un polypeptide constitué de NS5b, les vecteurs, tels qu'adénovirus ou poxvirus, capables d'exprimer cette composition et leur utilisation en tant que vaccin.

L'hépatite C est la cause principale des hépatites acquises par transfusion. L'hépatite C peut également être transmise par d'autres voies percutanées, par exemple par injection de drogues par voie intraveineuse. Le risque de contamination des professionnels de la santé n'est par ailleurs pas négligeable. La transmission sexuelle a été décrite.

L'hépatite C se distingue des autres formes de maladies du foie associées à des virus, telles que les hépatites A, B ou D. Les infections par le virus de l'hépatite C (VHC ou HCV) sont majoritairement chroniques avec pour résultante des maladies du foie, telles que hépatite, cirrhose et carcinome dans un grand nombre de cas (5 à 20%) et représentent dans les pays développés 30% des transplantations hépatiques.

Bien que le risque de transmission du virus par transfusion ait diminué du fait de la mise en place de tests de criblage dans les années 1990, la fréquence de nouvelles infections par le VHC reste élevée. A titre d'exemple, une étude récente indique qu'il y aurait encore aujourd'hui 10 000 à 15 000 nouveaux cas d'infection par an en France (S. Deuffic et al., Hepatology 1999 ; 29 : 1596-1601). Actuellement, environ 170 millions de personnes à travers le monde sont infectées de manière chronique par le VHC (Hepatitis C : Global prevalence (update) », 2000, Weekly Epidemiological Record, Vol 75(3)). Les populations à risque élevé sont principalement le personnel hospitalier et les utilisateurs de drogues intraveineuses, mais il existe des donneurs de sang asymptomatiques qui n'appartiennent pas à ces groupes à risque élevé et chez lesquels des anticorps anti-VHC circulants ont été retrouvés. Pour ces derniers, la voie de l'infection n'a encore pas été identifiée. Il existe donc des infections à VHC (estimation entre 5 et 10%), dites infections sporadiques dont l'étiologie est inconnue et qui ne peuvent être contrôlées.

Le VHC a été le premier virus hépatotrope isolé au moyen des techniques de

biologie moléculaire. Les séquences du génome viral ont été clonées avant que la particule virale n'ait été visualisée.

Le VHC appartient à un nouveau genre de la famille des *Flaviviridae*, les hepacivirus. C'est un virus à ARN simple brin positif, de 9,5 kb, qui se réplique par une  
 5 copie d'ARN complémentaire et dont le produit de traduction est un précurseur polyprotéique d'environ 3 000 acides aminés. L'extrémité 5' du génome du VHC correspond à une région non traduite adjacente aux gènes qui codent pour les protéines structurales, la protéine core de la nucléocapside, les deux glycoprotéines d'enveloppe, E1 et E2, et une petite protéine appelée p7. La région non traduite 5' et le gène core  
 10 sont relativement bien conservés dans les différents génotypes. Les protéines d'enveloppe E1 et E2 sont codées par des régions plus variables d'un isolat à un autre. La protéine p7 est une protéine extrêmement hydrophobe qui constituerait un canal ionique. L'extrémité 3' du génome du VHC contient les gènes qui codent pour les protéines non structurales (NS2, NS3, NS4, NS5) et pour une région 3' non codante  
 15 possédant un domaine bien conservé (Major ME, Feinstone SM, Hepatology, juin 1997, 25(6) : 1527-1538).

A l'heure actuelle, la thérapie la plus efficace pour le traitement de l'hépatite C associe l'interféron pégylé et la ribavirine (Manns MP et al., The Lancet, 22 septembre 2001, Vol. 358, 958-965). Alors que cette thérapie est particulièrement efficace dans le  
 20 cas des patients infectés par des souches virales appartenant aux génotypes 2 et 3, elle n'a encore qu'un effet limité sur les génotypes 1a, 1b et 4 (Manns MP, *supra*). Moins de 50% des patients traités deviennent des « répondeurs au long terme ». Par ailleurs, cette thérapie est une intervention coûteuse (10 000 à 15 000 euro/patient/an) et est associée à des effets toxiques. En effet, 5 à 10% des patients sont obligés d'interrompre  
 25 le traitement avant la fin.

Il est donc nécessaire de mettre au point une composition vaccinale ciblant tous les génotypes.

Plusieurs études montrent aujourd'hui que le contrôle d'une infection due au VHC, soit naturellement (« résolution spontanée »), soit après traitement (« résolution  
 30 thérapeutique ») est associé à l'induction ou la potentialisation de réponses immunes à médiation cellulaire faisant intervenir les lymphocytes T-CD4<sup>+</sup> et T-CD8<sup>+</sup> (comme

décrit par exemple dans LECHNER, F. et al., Eur. J. Immunol., 30 : 2479-2487 (2000) et dans Thimme R. et al., 2001, J. Exp. Med., 194(10) : 1395-1406).

Les molécules du complexe majeur d'histocompatibilité (CMH ou autrement appelé HLA chez l'homme) sont dites de classe I ou de classe II. Les molécules de classe I sont exprimées sur la quasi-totalité des cellules nucléées et sont capables de  
5 présenter des épitopes ou peptides aux lymphocytes T cytotoxiques (CTL) CD8<sup>+</sup>. Les molécules de classe II sont capables de présenter des épitopes aux cellules T CD4<sup>+</sup>, mais leur expression est restreinte aux cellules présentatrices d'antigène.

Les vaccins contre le virus de l'hépatite C actuellement envisagés sont basés sur  
10 l'utilisation de protéines recombinantes adjuvantées, de peptides, de vecteurs d'expression parmi lesquels on peut citer les vecteurs d'origine virale ou bactérienne ou d'ADN nu. Dans ce cas, une ou plusieurs protéines virales ou un ou plusieurs gènes codant pour ces protéines virales sont utilisés.

Lorsque plusieurs protéines virales ou un ou plusieurs gènes codant pour ces  
15 protéines virales sont sélectionnés, ceux-ci sont souvent constitués soit par une partie ou l'ensemble des protéines structurales (Makimura et al., 1996, Vaccine, 14 : 28-34 ; Fournillier A., et al, 1999, J. Virology, 73 : 7497-7504), soit par les protéines non structurales individuelles ou comprenant au moins deux protéines contiguës (Brinster et al., 2001, Hepatology, 34 : 1206-1217), soit par un mélange de protéines structurales et  
20 non structurales (Pancholi et al., 2003, J. Virology, 77 :382-390).

La demande de brevet WO99/3880 décrit l'utilisation de trois gènes codant séparément pour les trois protéines NS3, NS4 et NS5 (a et b) dans une composition vaccinale comprenant trois vaccins ADN exprimant chacun séparément ces trois protéines. Les auteurs montrent chez la souris l'induction de lymphocytes T spécifiques  
25 des trois antigènes. Seul le vaccin exprimant NS5a et b a été testé *in vivo* dans un test de protection.

La demande de brevet WO01/30812 décrit quant à elle l'utilisation d'une protéine de fusion constituée des protéines non structurales NS3, NS4 et NS5a, le cas échéant en association avec la protéine non structurale NS5b. Les auteurs ont indiqué  
30 que cette association permettait d'activer les cellules T spécifiques de VHC. Cette demande de brevet décrit simplement la capacité de formulations vaccinales (type ADN



nu, adénovirus recombinant ou virus de la vaccine recombinant) exprimant la protéine de fusion NS3 NS4 NS5a ou la protéine NS5a à induire des réponses immunitaires spécifiques et médiées par des lymphocytes T spécifiques.

La Demanderesse a maintenant mis en évidence, contre toute attente, que  
 5 l'association particulière des protéines non structurales NS3, NS4 et NS5b, NS3 et NS4 étant sous la forme d'une polyprotéine colinéaire, présentait un meilleur pouvoir immunogène et protecteur supérieur à celui obtenu avec un vaccin incluant, outre ces protéines non structurales, également la protéine NS5a et/ou d'autres protéines structurales du VHC telles que core, E1 ou E2, et avait un effet sur la capacité des  
 10 cellules provenant de patients infectés par des souches virales à induire des réponses immunitaires spécifiques.

Ainsi, la présente invention a pour objet une composition peptidique comprenant une polyprotéine NS3/NS4 du virus de l'hépatite C, ainsi qu'un polypeptide NS5b du virus de l'hépatite C.

15 Elle a également pour objet, les vecteurs incluant les séquences nucléotidiques codant pour cette composition peptidique, tels que les adénovirus et les poxvirus, ainsi que les microorganismes ou cellules hôtes transformés par ces vecteurs.

Elle a enfin pour objet les anticorps dirigés contre la composition peptidique de l'invention, ainsi que l'utilisation de la composition peptidique, des vecteurs et des  
 20 anticorps pour la préparation d'un médicament destiné à l'inhibition ou le contrôle d'une infection provoquée par le virus de l'hépatite C, et dans une composition vaccinale.

La présente invention propose donc une nouvelle composition peptidique constituée d'une polyprotéine NS3/NS4 et d'un polypeptide NS5b du VHC, laquelle  
 25 composition a la capacité de stimuler une réponse immunitaire à médiation cellulaire spécifique du VHC, de sorte qu'elle est utile dans le domaine de la vaccination prophylactique et thérapeutique dirigée contre le virus de l'hépatite C.

La polyprotéine NS3/NS4 de la composition peptidique de l'invention est constituée de la protéine NS3 et de la protéine NS4a et b, sans interruption dans la  
 30 séquence peptidique, comme dans la polyprotéine native. En effet, comme indiqué précédemment, le génome du VHC contient un seul cadre de lecture ouvert qui est

transcrit en une polyprotéine. Cette polyprotéine du VHC peut être clivée pour produire au moins dix parties distinctes, dans l'ordre NH<sub>2</sub>-Core-E1-E2-p7-NS2-NS3-NS4a-NS4b-NS5a-NS5b-COOH.

La protéine NS3 est une protéine de 630 acides aminés qui apparaît  
 5 approximativement de l'acide aminé 1027 à l'acide aminé 1657 de la polyprotéine. La protéine NS4, protéine de 314 acides aminés, quant à elle apparaît approximativement de l'acide aminé 1658 à l'acide aminé 1972 (numérotation par rapport au VHC-1) (Choo et al., 1991, Proc. Natl. Acad. Sci., vol 88:2451-2455). La polyprotéine NS3/NS4 apparaît donc approximativement de l'acide aminé 1027 à l'acide aminé  
 10 1972.

S'agissant du polypeptide NS5b également contenu dans la composition de l'invention, il est constitué de 590 acides aminés et apparaît approximativement de l'acide aminé 2421 à l'acide aminé 3011 de la polyprotéine (Choo et al., 1991, *supra*).

La protéine NS3 comprend deux domaines structuraux distincts, à savoir un  
 15 domaine N-terminal doté d'une activité protéasique à sérine active intervenant dans la maturation de la polyprotéine virale et un domaine C-terminal comprenant une activité hélicase associée à une activité NTPasique qui joue un rôle dans la réplication du génome viral.

Par « polyprotéine NS3/NS4 » et « polypeptide NS5b », on entend bien entendu  
 20 les polyprotéines et polypeptides ayant les séquences en acides aminés natives, provenant de toute souche et isolat du VHC, ainsi que leurs analogues, mutéines et homologues.

Par « analogues » ou « mutéines » de la polyprotéine et du polypeptide, on entend les dérivés biologiquement actifs des molécules de référence qui présentent  
 25 l'activité souhaitée, à savoir la capacité à stimuler une réponse immunitaire à médiation cellulaire comme défini ci-dessus.

De façon générale, le terme « analogue » se réfère à des composés ayant une séquence et une structure polypeptidique native présentant une ou plusieurs additions, substitutions (généralement conservatrice en termes de nature) et/ou délétions d'acide  
 30 aminé, par rapport à la molécule native, dans la mesure où les modifications ne détruisent pas l'activité immunogène. Par le terme « mutéine », on entend les peptides

présentant un ou plusieurs éléments imitant le peptide (« peptoïdes »), tels que ceux décrits dans la demande de brevet PCT WO91/04282. De préférence, l'analogue ou la mutéine ont au moins la même immunoactivité que la molécule native. Des procédés de préparation d'analogues et mutéines polypeptidiques sont connus de l'homme du métier et sont décrits ci-dessous.

Les analogues particulièrement préférés incluent les substitutions conservatrices en nature, c'est-à-dire les substitutions qui prennent place dans une famille d'acides aminés. Spécifiquement, les acides aminés sont généralement divisés en 4 familles, à savoir (1) les acides aminés acides tels que l'aspartate et le glutamate, (2) les acides aminés basiques tels que la lysine, l'arginine et l'histidine, (3) les acides aminés non polaires tels que l'alanine, la leucine, l'isoleucine, la proline, la phénylalanine, la méthionine et le tryptophane et (4) les acides aminés non chargés polaires tels que la glycine, l'asparagine, la glutamine, la cystéine, la sérine, la thréonine et la tyrosine. La phénylalanine, le tryptophane et la tyrosine sont parfois classés en acides aminés aromatiques. Par exemple, on peut prédire de façon raisonnable qu'un remplacement isolé de leucine par de l'isoleucine ou de la valine, d'un aspartate par un glutamate, d'une thréonine par une sérine, ou un remplacement conservateur similaire d'un acide aminé par un autre acide aminé ayant un rapport structurel, n'aura pas d'effet majeur sur l'activité biologique. L'homme du métier déterminera facilement les régions de la molécule peptidique d'intérêt qui peuvent tolérer un changement par référence à aux plots Hopp/Woods et Kyte-Doolite, biens connus dans la technique.

Par « homologie », on entend le pourcentage d'identité entre deux molécules peptidiques, telles que polyprotéines et polypeptides. Deux séquences d'acides aminés sont « sensiblement homologues » l'une par rapport à l'autre lorsque les séquences présentent au moins 60%, de préférence au moins 75%, de préférence encore au moins 80-85%, de préférence encore au moins 90% et d'avantage préféré au moins 95-98% ou plus d'identité de séquence sur une longueur définie des molécules peptidiques.

De manière générale, le terme « identité » se réfère à une correspondance exacte acide aminé par acide aminé de deux séquences peptidiques. Le pourcentage d'identité peut être déterminé par une comparaison directe de l'information de séquence entre deux molécules en alignant les séquences, en comptant le nombre exact de

mésappariements entre les deux séquences alignées, en divisant par la longueur de la séquence la plus courte et en multipliant le résultat par 100. Le pourcentage d'identité peut également être déterminé à l'aide de programmes d'ordinateurs tels que ALIGN, Dayhoff, M.O. dans Atlas of Protein Sequence and Structure M.O. Dayhoff ed., 1981, 5  
5 Suppl., 3 : 482-489.

Les séquences d'acide nucléique et en acides aminés d'un certains nombre de souches et isolats du VHC, et en particulier de la protéine NS3, de la protéine NS4 et du polypeptide NS5b, ont déjà été déterminées.

Par exemple, l'isolat HCV-J1 est décrit dans Okamoto H. et al., 1992, Nucleic  
10 Acids Res., 20 : 6410-6410. Les séquences codantes complètes de deux isolats indépendants du VHC, à savoir les isolats HCV-J et -BK, ont été décrits respectivement dans Kato et al., 1990, Proc. Natl. Acda., Sci., 87 : 9524-9528 et dans Takamizawa et al., 1991, J. Virol., 65 : 1105-1113. S'agissant de l'isolat HCV-1, il est décrit dans Choo et al., 1990, Brit. Med. Bull., 46 : 423-441 et dans Choo et al., 1991, *supra*.  
15 L'isolat HVC-H a été décrit dans Inchauspé G. et al ;, 1991, Proc. Natl. Acad. Sci., 88 : 10292-10296. L'isolat HCV-G9 a été décrit dans Okamoto H., et al., 1994, J. Gen. Virol., 45 : 629-635. Les isolats HCV-J6 et -J8 ont été décrits respectivement dans Okamoto H., et al., 1991, J. Gen. Virol., 72 : 2697-2704 et Okamoto H., et al., 1992, Virology, 188 : 331-341. L'isolat HVC-BEBE1 a été décrit dans Nako H., et al., 1996,  
20 J. Gen. Virol., 141 : 701-704 et l'isolat HCV-NZL1 a été décrit dans Sakamoto M., et al., 1994, J. Gen. Virol., 75 : 1761-1768. S'agissant de l'isolat HCV-Tr, il a été décrit dans Chayama K., et al., 1994, J. Gen. Virol., 75 : 3623-3628. Les isolats HCV-ED43 et -EUH1480 ont été décrits respectivement dans Chamberlain R.W., et al., 1997, J. Gen. Virol., 78 : 1341-1347 et Chamberlain R.W., et al., 1997, Biochem. Biophys. Res.  
25 Commun., 236 : 44-49. L'isolat HCV-EUHK2 a été décrit dans Adams A., et al., 1997, Biochem. Biophys. Res. Commun., 234 : 393-396. Les isolats HCV-VN235, -VN405 et -VN004 ont été décrits dans Tokita H., et al., 1998, J. Gen. Virol., 79 : 1847. Enfin, s'agissant des isolats HCV-JK049 et -JK046, ils ont été décrits dans Tokita H. et al., 1996, J. Gen. Virol., 77 : 293-301.

30 Les souches et isolats du VHC, tel qu'illustrés ci-dessus, peuvent présenter des génotypes différents, à savoir des génotypes 1a (isolats HCV-1, -J1 et -H), 1b (isolats

HCV-J et BK), 1c (isolat HCV-G9), 2a (isolat HCV-J6), 2b (isolat HCV-J8), 2c (isolat HCV-BEBE1), 3a (isolat HCV-NZL1), 3b (isolat HCV-Tr), 4a (isolat HCV-ED43), 5a (isolat HCV-EUH1480), 6a (isolat HCV-EUHK2), 7b (isolat HCV-VN235), 8b (isolat HCV-VN405), 9a (isolat HCV-VN004), 10a (isolat HCV-JK049) et 11a (isolat HCV-JK046).

Selon un mode de réalisation de l'invention, NS3 et/ou NS4 et/ou NS5b proviennent de virus de génotypes différents.

Selon un autre mode de réalisation, NS3 et/ou NS4 et/ou NS5b proviennent de virus de même génotype, de préférence de génotype 1b.

La polyprotéine NS3/NS4 et le polypeptide NS5b contenus dans la composition peptidique de l'invention peuvent être soit d'origine native, soit d'origine recombinante.

La polyprotéine NS3/NS4 et le polypeptide NS5b d'origine native sont obtenus à partir des souches ou isolats du VHC, par le biais de l'utilisation d'amorces oligonucléotidiques synthétiques qui vont servir à amplifier les séquences virales natives, soit à partir de sera de patients infectés par le ou les génotypes viraux ciblés, soit à partir d'ARN viral déjà purifié, provenant par exemple de sang ou de foie de patients, soit à partir d'ADN complémentaire libre ou cloné au préalable dans un vecteur d'expression, soit encore à partir de particules virales purifiées à partir de prélèvements biologiques ou de système de propagation *in vitro*.

La polyprotéine NS3/NS4 et le polypeptide NS5b de l'invention d'origine recombinante peuvent également être obtenus par la technique du génie génétique qui comprend les étapes de :

- culture d'un microorganisme ou de cellules eucaryotes transformé(es) à l'aide d'une séquence nucléotidique codant pour ladite polyprotéine NS3/NS4 ou pour ledit polypeptide NS5b et
- récupération du peptide produit par ledit microorganisme ou lesdites cellules eucaryotes.

Cette technique est bien connue de l'homme du métier. Pour plus de détails la concernant, on pourra se référer à l'ouvrage ci-après : Recombinant DNA Technology I, Editors Ales Prokop, Raskesh K Bajpai ; Annals of the New-York Academy of

Sciences, Volume 646, 1991.

Les séquences nucléotidiques codant pour la polyprotéine NS3/NS4 et le polypeptide NS5b peuvent être préparées par synthèse chimique couplée à une approche de génie génétique ou par génie génétique seul, en utilisant les techniques bien connues de l'homme du métier et décrites par exemple dans Sambrook J. et al.,  
 5 Molecular Cloning : A Laboratory Manual, 1989.

Les séquences nucléotidiques codant pour la polyprotéine NS3/NS4 et le polypeptide NS5b peuvent être insérées dans des vecteurs d'expression dans un système d'expression adapté, afin d'obtenir la composition peptidique de l'invention.

10 Ainsi, un autre objet de l'invention consiste en les vecteurs d'expression comprenant une séquence nucléotidique codant pour la polyprotéine NS3/NS4 et une séquence nucléotidique codant pour le polypeptide NS5b,, ainsi que les moyens nécessaires à son expression.

On entend par moyen nécessaire à l'expression d'un peptide, le terme peptide  
 15 étant utilisé pour toute molécule peptidique, telle que protéine, polyprotéine, polypeptide, etc., tout moyen qui permet d'obtenir le peptide, tel que notamment un promoteur, un terminateur de transcription, une origine de répllication et de préférence un marqueur de sélection.

Les moyens nécessaires à l'expression d'un peptide sont liés de façon  
 20 opérationnelle à la séquence d'acide nucléique codant pour le peptide d'intérêt. Par « liés de façon opérationnelle », on entend une juxtaposition desdits éléments nécessaires à l'expression et du gène codant pour le peptide d'intérêt, lesquels sont en une relation telle que cela leur permet de fonctionner de façon attendue. Par exemple, ils peut exister des bases supplémentaires entre le promoteur et le gène d'intérêt tant  
 25 que leur relation fonctionnelle est préservée.

Les moyens nécessaires à l'expression d'un peptide peuvent être des moyens homologues, c'est-à-dire inclus dans le génome du vecteur utilisé, ou bien être hétérologues. Dans ce dernier cas, lesdits moyens sont clonés avec le peptide d'intérêt à exprimer.

30 Des exemples de promoteurs hétérologues comprennent (i) les promoteurs viraux tels que le promoteur SV40 (Virus simien 40), le promoteur du gène de la

thimidine-kinase du virus simplex de l'Herpès (TK-HSV-1), le LTR du virus du sarcome de Rous (RSV), le promoteur premier immédiat du cytomégolovirus (CMV) et le promoteur dernier majeur adénoviral (MLP), ainsi que (ii) tout promoteur cellulaire qui contrôle la transcription des gènes codant pour des peptides chez des eucaryotes  
 5 supérieurs, tel que le promoteur du gène de phosphoglycérate-kinase (PGK) constitutif (Adra et al., 1987, Gene, 60 : 65-74), le promoteur des gènes spécifiques du foie  $\alpha$ 1-antitrypsine et FIX et le promoteur SM22 spécifique des cellules du muscle lisse (Moessler et al., 1996, Development, 122 : 2415-2425)

Selon un mode de réalisation de l'invention, les séquences nucléotidiques  
 10 codant pour ladite polyprotéine NS3/NS4 et ledit polypeptide NS5b sont issus de génotypes différents.

Selon un autre mode de réalisation, les séquences nucléotidiques codant pour ladite polyprotéine et ledit polypeptide sont issus d'un virus de même génotype, de préférence le génotype 1b.

15 Là encore, on entend par « séquence nucléotidique », toutes les séquences codant pour la polyprotéine NS3/NS4 et le polypeptide NS5b natifs, ainsi que pour leurs analogues, mutéines et homologues, tels que définis précédemment.

Lesdites séquences contenues dans le vecteur d'expression peuvent être liées directement entre elles sous le contrôle d'un seul promoteur et/ou d'un seul élément  
 20 régulateur de l'expression, ou bien elles peuvent être séparées en étant sous la dépendance chacune de promoteurs et/ou régulateurs de l'expression indépendants, identiques ou différents.

A titre de vecteur d'expression qui conviennent aux fins de l'invention, on peut citer par exemple les plasmides, les vecteurs viraux type adénovirus, poxvirus, virus de  
 25 la vaccine, baculovirus, les vecteurs bactériens du type salmonelle, BCG.

Les adénovirus ont été détectés dans de nombreuses espèces animales, ne s'intègrent pas et sont peu pathogènes. Ils sont capables d'infecter une variété de types cellulaires, les cellules en division et les cellules en repos. Ils possèdent un tropisme naturel pour les épithéliums bronchiques. De plus, ils ont été utilisés en tant que vaccins  
 30 entériques vivants pendant de nombreuses années avec un excellent profile de sécurité. Enfin, on peut les faire pousser facilement et les purifiées en grande quantité. Ces

caractéristiques ont fait que les adénovirus sont particulièrement appropriés pour une utilisation en tant que vecteurs d'expression et notamment en tant que vecteurs de thérapie génique à des fins thérapeutiques et vaccinales.

Selon un mode de réalisation préféré, le vecteur de l'invention est un  
5 adénovirus.

Des exemples d'adénovirus à utiliser dans la présente invention peuvent être dérivés de toute source d'origine humaine ou animale, en particulier d'origine canine (par exemple CAV-1 ou CAV-2 ; référence Genbank CAV1GENOM et CAV77082, respectivement), d'origine avienne (référence Genbank AAVEDSDNA), d'origine  
10 bovine (telle que BAV3, Seshidhar Reddy et al., 1998, J. Virol., 72 : 1394-1402), d'origine ovine, féline, porcine, d'origine simienne, ou bien d'un de leurs hybrides. Tout sérotype peut être utilisé. Toutefois, les adénovirus d'origine humaine sont préférés et en particulier l'adénovirus 5 (AdIV).

De façon générale, les virus cités sont disponibles dans les collections ATCC et  
15 ont fait l'objet de nombreuses publications décrivant leur séquence, leur organisation et leur biologie, ce qui permet à l'homme du métier de les appliquer facilement. Par exemple, la séquence de l'adénovirus type 5 est décrite dans la base de donnée Genbank (M73260 et M29978) et est incorporée ici par référence.

Le génome des adénovirus est constitué d'une molécule d'ADN linéaire double  
20 brin d'environ 36 kb portant plus d'environ 30 gènes nécessaires pour terminer le cycle viral. Les premiers gènes sont divisés en 4 régions dispersées dans le génome de l'adénovirus (E1 à E4). Les régions E1, E2 et E4 sont essentielles pour la réplication virale. La région E3 est considérée comme une région non essentielle sur la base de l'observation que les virus mutants apparaissant naturellement ou les virus hybrides  
25 ayant perdu cette région E3 continuent à se répliquer comme les virus de type sauvage dans les cellules cultivées (Kelly et Lewis, 1973, J. Virol., 12 : 643-652). Les derniers gènes (L1 à L5) codent en majorité pour les protéines structurales constituant la capsid virale. Ils chevauchent au moins en partie les premiers motifs de transcription et sont transcrits à partir d'un promoteur unique (MLP pour « Major Late Promoter »). De plus,  
30 le génome adénoviral porte aux deux extrémités des régions à action en cis essentielles pour la réplication d'ADN, respectivement les motifs de répétition inversés 5' et 3'



(ITRs pour « Inverted Terminal Repeats ») et une séquence d'empaquetage.

Les adénovirus actuellement utilisés dans les protocoles de thérapie génique sont dénués de la majorité de la région E1, ce qui rend les virus déficients au niveau de leur réplication pour éviter leur dissémination dans l'environnement et dans l'organisme hôte. En outre, la plupart des adénovirus sont également dénués de la région E3 afin d'accroître leur capacité de clonage. La faisabilité du transfert de gène en utilisant ces vecteurs a été démontrée dans une variété de tissus *in vivo* (voir par exemple Yei et al., 1994, Hum. Gene Ther., 5 : 731-744 ; Dai et al., 1995, Proc. Natl. Acad Sci. USA, 92: 1401-1405 ; US6,099,831 ; et US6,013,638).

De préférence, les promoteurs utilisés dans les adénovirus comme vecteur d'expression, sont des promoteurs hétérologues tels que les promoteurs le CMV et le SV40.

De préférence encore, le promoteur CMV est le promoteur de la polyprotéine NS3/NS4 et le vecteur d'expression comprend comme séquence nucléotidique codant pour ladite polyprotéine la cassette d'expression CMV-NS3-NS4.

Par « cassette d'expression », on entend une séquence d'ADN contenant un promoteur et un cadre de lecture ouvert pour l'expression du peptide d'intérêt, à insérer dans un vecteur.

De préférence également, le promoteur SV40 est le promoteur du polypeptide NS5b et le vecteur d'expression comprend comme séquence nucléotidique codant pour ledit polypeptide la cassette d'expression SV40-NS5b.

Selon un mode de réalisation de l'invention, le génome de l'adénovirus est modifié de façon à remplacer la région E1 par la cassette d'expression CMV-NS3-NS4 et à remplacer la région E3 par la cassette d'expression SV40-NS5b.

Les méthodes de suppression et d'insertion de séquences d'ADN dans des vecteurs d'expression sont largement connues de l'homme du métier et consistent notamment en des étapes de digestion enzymatique et ligature.

Un autre vecteur d'expression particulièrement approprié aux fins de l'invention est un poxvirus, lequel constitue un autre mode de réalisation de l'invention.

Les poxvirus constituent un groupe de virus complexe enveloppés, se distinguant principalement par leur morphologie inhabituelle, leur grand génome

d'ADN et leur site cytoplasmique de réplication. Le génome de plusieurs éléments des *poxviridae*, comprenant la souche virale de la vaccine de Copenhagen (VV) (Goebel et al., 1990, Virol. 179 : 247-266 et 517-563) et la souche du virus de la vaccine modifié d'Ankara (MVA) (Antoine et al., 1998, Virol., 244 : 635-396), a été cartographié et  
 5 séquencé. La souche VV possède un génome d'ADN double brin d'environ 192 kb codant pour environ 200 protéines dont approximativement 100 sont impliquées dans l'assemblage du virus. La souche MVA est une souche du virus de la vaccine hautement atténuée, générée par plus de 500 passages en série de la souche d'Ankara du virus de la vaccine (CVA) sur des fibroblastes d'embryons de poulet (Mayr et al., 1975,  
 10 Infection, 3 : 6-16). Le virus MVA a été déposé devant la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes (CNCM) sous le numéro I-721. La détermination de la séquence complète du génome du MVA et la comparaison avec celui du VV permet l'identification précise des altérations qui sont apparues dans le génome viral et la définition de sept délétions (I à VII) et de nombreuses mutations conduisant à des  
 15 cadres de lecture ouverts fragmentés (Antoine et al., 1998, Virology, 244 : 365-396).

D'autres exemples de poxvirus appropriés aux fins de l'invention comprennent le pox du canari, le pox de volaille, le pox de vache, l'entomopox, le pox de singe, le pox de porc et le pox de pingouin.

Le poxvirus se trouve sous deux formes morphologiquement distinctes, appelées  
 20 virus mature intracellulaire (IMV) et virus extracellulaire enveloppé (EEV).

Le poxvirus utilisé comme vecteur d'expression de l'invention présente au moins l'une des caractéristiques suivantes, prises seules ou en association :

- (i) le poxvirus est un virus MVA,
- (ii) le poxvirus est sous forme morphologique IMV, et
- 25 (iii) le génome du poxvirus est modifié de façon à insérer la cassette d'expression NS3/NS4 et à insérer la cassette d'expression NS5b.

Lorsque le génome du poxivirus est modifié de façon à insérer les deux cassettes d'intérêt, les moyens nécessaires à leur expression sont homologues. Ainsi, dans le cas où on utilise le virus MVA, la cassette NS3/NS4 peut être par exemple sous le contrôle  
 30 du promoteur ph5r et la cassette NS5b peut être par exemple sous le contrôle du promoteur p7.5 et vice et versa.

Selon un mode de réalisation particulier, lorsque le génome du poxivirus est modifié de façon à insérer les deux cassettes d'intérêt, les deux dites cassettes d'expression sont orientées dans le même sens.

Selon un autre mode de réalisation particulier, elles sont orientées en sens  
5 opposé.

Là encore, les cassettes d'expression sont insérées dans le génome du poxvirus de façon connue par l'homme du métier, comme indiqué précédemment.

Les vecteurs de l'invention peuvent également comprendre des séquences nécessaires au ciblage des peptides vers des compartiments cellulaires particuliers. Un  
10 exemple de ciblage peut être le ciblage vers le réticulum endoplasmique obtenu en utilisant des séquences d'adressage du type de la séquence leader issue de la protéine E3 de l'adénovirus (Ciernik I.F., et al., The Journal of Immunology, 1999, 162, 3915-3925).

Ils peuvent également comprendre des séquences nécessaires au ciblage vers les  
15 cellules dendritiques et au ciblage à la membrane des cellules.

L'invention a également pour objet les microorganismes et les cellules eucaryotes transformés par un vecteur d'expression de l'invention.

A titre d'exemples de microorganisme qui conviennent aux fins de l'invention, on peut citer les levures, telles que celles des familles suivantes : *Saccharomyces*,  
20 *Schizosaccharomyces*, *Kluveromyces*, *Pichia*, *Hanseluna*, *Yarrowia*, *Schwaniomyces*, *Zygosaccharomyces*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Saccharomyces carlsbergensis* et *Kluveromyces lactis* étant préférées ; et les bactéries, telles que *E. coli* et celles des familles suivantes : *Lactobacillus*, *Lactococcus*, *Salmonella*, *Strptococcus*, *Bacillus* et *Streptomyces*.

A titre d'exemples de cellules eucaryotes, on peut citer les cellules provenant  
25 d'animaux tels que les mammifères, les reptiles, les insectes et équivalent. Les cellules eucaryotes préférées sont les cellules provenant du hamster chinois (cellules CHO), du singe (cellules COS et Vero), du rein de hamster nain (cellules BHK), du rein de cochon (cellules PK 15) et du rein de lapin (cellules RK13, les lignées cellulaires  
30 humaines de l'ostéosacorne (cellules 143 B), les lignées cellulaires humaines HeLa et les lignées cellulaires humaines de l'hépatome (du type cellules Hep G2), ainsi que les

lignées cellulaires d'insecte (par exemple de *Spodoptera frugiperda*).

Les cellules hôtes peuvent être fournies dans des cultures en suspension ou en flacon, dans des cultures tissulaires, des cultures d'organe et équivalent. Les cellules hôtes peuvent également être des animaux transgéniques.

5 L'invention concerne également des anticorps dirigés contre l'une des compositions peptidiques de l'invention telles que définies précédemment ou bien contre l'un des vecteurs d'expression de l'invention tels que définis précédemment.

Les anticorps selon l'invention sont soit des anticorps polyclonaux, soit monoclonaux.

10 Les anticorps polyclonaux susmentionnés peuvent être obtenus par immunisation d'un animal avec la composition peptidique de l'invention ou bien avec le vecteur de l'invention à titre « d'antigène d'intérêt », suivie de la récupération des anticorps recherchés sous forme purifiée, par prélèvement du sérum dudit animal, et séparation desdits anticorps des autres constituants du sérum, notamment par  
15 chromatographie d'affinité sur une colonne sur laquelle est fixée un antigène spécifiquement reconnu par les anticorps, notamment un antigène viral d'intérêt.

Les anticorps monoclonaux peuvent être obtenus par la technique des hybridomes dont le principe général est rappelé ci-après.

Dans un premier temps, on immunise un animal, généralement une souris, (ou  
20 des cellules en culture dans le cadre d'immunisations *in vitro*) avec la composition peptidique de l'invention ou bien avec le vecteur de l'invention à titre « d'antigène d'intérêt », dont les lymphocytes B sont alors capables de produire des anticorps contre ledit antigène. Ces lymphocytes producteurs d'anticorps sont ensuite fusionnés avec des cellules myélomateuses "immortelles" (murines dans l'exemple) pour donner lieu à des  
25 hybridomes. A partir du mélange hétérogène des cellules ainsi obtenu, on effectue alors une sélection des cellules capables de produire un anticorps particulier et de se multiplier indéfiniment. Chaque hybridome est multiplié sous la forme de clone, chacun conduisant à la production d'un anticorps monoclonal dont les propriétés de reconnaissance vis-à-vis de l'antigène d'intérêt pourront être testées par exemple en  
30 ELISA, par immunotransfert en une ou deux dimensions, en immunofluorescence, ou à

l'aide d'un biocapteur. Les anticorps monoclonaux ainsi sélectionnés, sont par la suite purifiés notamment selon la technique de chromatographie d'affinité décrite ci-dessus.

Les compositions peptidiques, les vecteurs et les anticorps de l'invention sont particulièrement efficaces pour l'inhibition, la prévention et le contrôle de l'infection  
5 des patients porteurs du virus du VHC, de sorte que leur utilisation pour la préparation d'un médicament constitue un autre objet de l'invention.

La présente invention concerne également une composition pharmaceutique, notamment vaccin, contenant à titre de substance active la composition peptidique de l'invention, ou bien un vecteur d'expression de l'invention, ou bien les séquences  
10 nucléotidiques codant pour ladite polyprotéine NS3/NS4 et ledit polypeptide NS5b correspondant aux séquences contenues dans les vecteurs d'expression de l'invention, placées sous le contrôle d'éléments nécessaires à une expression constitutive et/ou inductible desdits peptides, ou bien l'un au moins des anticorps de l'invention.

Par éléments nécessaires à une expression constitutive des peptides, on entend  
15 un promoteur ubiquitaire ou spécifique des cellules eucaryotes.

A titre d'éléments nécessaires à une expression inductible des peptides, on peut citer les éléments de régulation de l'opéron de *E. coli* pour la résistance à la tétracycline (Gossen M. et al, Proc Natl Acad Sci USA, 89 : 5547-5551 (1992)).

Selon un mode de réalisation particulier de l'invention, la composition  
20 pharmaceutique contient également un véhicule pharmaceutiquement approprié. Bien entendu, l'homme du métier déterminera facilement la nature du véhicule pharmaceutiquement approprié et la quantité de polypeptides à utiliser en fonction des constituants de la composition pharmaceutique.

Les compositions pharmaceutiques de l'invention contiennent de préférence à  
25 titre de substance active un des vecteurs de l'invention, de sorte qu'elles sont utiles en vaccination prophylactique et thérapeutique.

La vaccination prophylactique et thérapeutique peut être mise en œuvre par injection d'un vaccin à base d'un vecteur d'expression de l'invention, injection suivie de rappels ou non. Elle peut également être mise en œuvre en injectant deux types de  
30 vecteurs d'expression de l'invention différents, tout d'abord un adénovirus, puis un poxvirus, de façon simultanée ou différée dans le temps, et vice et versa.

Ces vecteurs peuvent être contenus dans un kit pharmaceutique.

Aussi un autre objet de l'invention consiste en des kits pharmaceutiques, notamment vaccinaux, comprenant un vecteur d'expression de type adénovirus tel que défini précédemment et/ou un vecteur d'expression de type poxvirus tel que défini  
5 précédemment.

La vaccination prophylactique et thérapeutique peut également être mise en œuvre par injection d'un vaccin à base d'au moins un vecteur d'expression de l'invention et d'au moins une composition pharmaceutique de l'invention constituée de la composition peptidique de l'invention ou des anticorps de l'invention. Elle peut  
10 également être mise en œuvre par injection d'un vaccin à base d'au moins un vecteur d'expression de l'invention et d'au moins une séquence nucléotidique codant pour la polyprotéine NS3/NS4 et pour le polypeptide NS5b.

Aussi, un autre objet de l'invention consiste en des kits pharmaceutiques, notamment vaccinaux, comprenant au moins un vecteur d'expression de l'invention et  
15 au moins une composition pharmaceutique de l'invention ou d'au moins une séquence nucléotidique codant pour la polyprotéine NS3/NS4 et pour le polypeptide NS5b.

La présente invention sera mieux comprise à l'aide des exemples suivants donnés uniquement à titre illustratif et non limitatif, ainsi qu'à l'aide des figures 1 à 6 annexées, sur lesquelles :

- 20 - la figure 1A à 1K représente les cartes des différents plasmides utilisés pour l'obtention d'un adénovirus AdNS3NS4NS5b selon l'invention, sur lesquelles sont indiqués les sites des différentes enzymes de restriction et l'emplacement des fragments de séquence codant pour NS3/NS4 et pour NS5b,
- la figure 2A à 2H représente les cartes des différents plasmides utilisés  
25 pour l'obtention d'un poxvirus MAV NS3NS4NS5b selon l'invention, sur lesquelles sont indiqués les sites des différentes enzymes de restriction et l'emplacement des fragments de séquence codant pour NS3/NS4 et pour NS5b,
- la figure 3 donne la réponse cellulaire induite par l'adénovirus AdNS3NS4, soit selon le test CTL (figure 3A) où on a utilisé l'épitope GLL pour stimuler les splénocytes en culture et pour charger les cibles du CTL et  
30 dont le résultat est exprimé en pourcentage de lyse spécifique en fonction du

rapport effecteur/cible, soit selon le test ELISPOT (figure 3B), spécifique pour l'épitope GLL, où le résultat est donné en nombre de spots/10<sup>6</sup> cellules,

- la figure 4 donne la réponse cellulaire induite par l'adénovirus AdNS5b selon le test ELISPOT, spécifique des épitopes ALY et KLP,

5 - la figure 5 donne la réponse cellulaire induite par l'adénovirus AdCE1E2 selon le test CTL où on a utilisé l'épitope DLM pour stimuler les splénocytes en culture et pour charger les cibles du CTL et dont le résultat est exprimé en pourcentage de lyse spécifique en fonction du rapport effecteur/cible et

10 - la figure 6 donne le titre de virus recombinant de la vaccine, résultant du test d'épreuve, en pfu/ml/mg ovaire, pour les 4 groupes de 8 souris immunisées par les différentes combinaisons d'adénovirus : AdNS3NS4 + AdNS5b (1<sup>er</sup> groupe), les adénovirus AdNS3NS4 + AdNS5b + AdNS5a (2<sup>ème</sup> groupe), les adénovirus AdNS3NS4 + AdNS5b + AdCE1E2 (3<sup>ème</sup> groupe) et  
15 l'adénovirus AdβGal (4<sup>ème</sup> groupe).

### **Exemple 1 : Préparation d'un adénovirus permettant l'expression des protéines NS3/NS4 et NS5b selon l'invention**

#### **1 Adénovirus**

20 Les adénovirus recombinants sont générés par transfection (CaPO<sub>3</sub>) de la lignée de complémentation 293 (Graham, Smiley, et al. 1977) après linéarisation des génomes par PacI. Les virus recombinants se propagent et sont amplifiés sur cette même lignée, et leur purification est réalisée à partir des cellules infectées. Les cellules sont récupérées par centrifugation (1500 tpm (tours par min), 10 min) et lysées par 3 cycles  
25 de congélation/décongélation. Le lysat cellulaire est clarifié par deux centrifugations (2000 tpm, 10 min; 8000 tpm, 15 min), puis purifié par deux ultracentrifugations successives. La première est réalisée sur un gradient de Chlorure de Césium (densités 1,4 et 1,25) à 30000 tpm pendant 1 heure. La seconde est réalisée sur un coussin de Chlorure de Césium (densité 1,34) à 35000 tpm pendant 18 heures. Les phases  
30 contenant les virions sont prélevées et diluées de moitié dans un tampon saccharose 60%. Les suspensions virales sont alors dialysées contre du tampon de formulation

(pour 10 litres: 3423g de saccharose; 12,11g de Tris; 2,033g de  $MgCl_2$ ; 87,7g de NaCl), puis aliquotées. Leur titrage est réalisé par immunofluorescence indirecte sur cellules 293 infectées par différentes dilutions virales et marquées par un anticorps spécifique de la DNA-Binding Protein adénovirale ( $\alpha 72K$  B6-8) (Reich, Sarnow, et al. 1983).

## 5        **2 Préparation de l'adénovirus AdNS3NS4**

Cet adénovirus permet l'expression du gène codant pour la polyprotéine NS3/NS4 (SEQ ID N°1 et 2) sous le contrôle du promoteur CMV.

### 2.1 Amplification par PCR de la séquence nucléotidique codant pour la polyprotéine NS3/NS4

10        Pour ce faire, on a utilisé les oligonucléotides suivants :

oIV166: 5'-GGG GGG GCT ATG GCG CCT ATC ACG GCC TA-3' (SEQ ID N°9)

oIV171: 5'-GGG GGG ACG CGT TTA GCA TGG CGT GGA GCA GT-3' (SEQ ID N°10)

ainsi que les réactifs suivants :

15        *Taq* DNA Polymérase, tampon PCR,  $MgCl_2$  1,5mM et dNTP 10mM (Invitrogen).

Les conditions de PCR ont été les suivantes :

5 min à 94°C, puis

30 cycles de la série : 45 s à 94°C, 45 s à 62°C et 1 min à 72°C, puis

10 min à 72°C

### 20        **2.2 Insertion du fragment de PCR NS3/NS4 dans le plasmide de transfert pTG13387**

On a effectué les étapes suivantes :

- Digestion enzymatique du plasmide pTG13387 (figure 1A, Transgène) par *NheI/MluI* (*NheI*, Invitrogen dans React 4 Buffer et *MluI*, Invitrogen dans React 3 Buffer)

25        - Digestion enzymatique du fragment NS3/NS4 par *NheI/MluI*

- Ligature(*T4* DNA Ligase (Invitrogen) dans Reaction Buffer (Invitrogen)),

- Transformation bactérienne (souche 5K, Transgène)

- Sélection des clones bactériens sur milieu LB (Difco) + ampicilline (100  $\mu g/ml$ , Duchefa)

30        - Maxi-préparation plasmidique (Qiagen, selon le protocole du fournisseur) d'un clone positif après analyse de restriction



- Analyse de restriction : digestion par *SmaI* (Invitrogen dans React 4 Buffer) et obtention de fragments de : 5450, 2164, 909, 214 et 180 pb
- Obtention du plasmide pIV315 délété de sa région E1 et contenant la séquence NS3/NS4 sous le contrôle du promoteur CMV (figure 1B).

### 5            2.3 Recombinaison homologue avec le génome adénoviral complet délété de sa région E3 contenu dans le plasmide pTG6624

On a effectué les étapes suivantes :

- Digestion enzymatique du plasmide obtenu ci-dessus pIV315 par *PacI/PvuI* (*PacI* dans tampon NEB1, Biolabs et *PvuI* dans React 7 Buffer, Invitrogen); isolement sur gel  
10 d'agarose du fragment contenant la cassette pCMV-NS3-NS4
- Digestion enzymatique du plasmide pTG6624 (figure 1C) par *Clal* (dans React 1 Buffer, Invitrogen)
- Transformation bactérienne (souche BJ, Transgène) pour effectuer la recombinaison homologue entre les deux fragments plasmidiques
- 15 - Sélection des clones bactériens sur milieu LB + ampicilline (100 µg/ml)
- Maxi-préparation plasmidique (Qiagen) d'un clone positif après analyse de restriction
- Analyse de restriction : digestion par *SmaI* et obtention de fragments de : 2263, 621, 3814, 214, 2164, 909, 180, 2463, 6480, 1398, 4456, 1455, 3540, 3386, 230 et 3685 pb
- Obtention du génome adénoviral complet Adénovirus AdNS3NS4, délété de ses  
20 régions E3 et E1, cette dernière ayant été remplacée par la cassette d'expression pCMV-NS3-NS4 (pIV317, figure 1D).

### 3 Préparation de l'adénovirus AdNS3NS4NS5b

Cet adénovirus permet l'expression du gène codant pour la polyprotéine NS3/NS4 sous le contrôle du promoteur CMV et l'expression du gène codant pour le  
25 polypeptide NS5b sous le contrôle du promoteur SV40

#### 3.1 Construction du plasmide de transfert permettant le clonage dans la région E3 de l'adénovirus d'une séquence codante sous le contrôle du promoteur CMV

On a mis en œuvre les étapes suivantes :

- Digestion enzymatique du plasmide pTG4664 (figure 1E, Transgène) par *Bgl/III* (dans  
30 React 3 Buffer, Invitrogen)
- Digestion enzymatique du plasmide pTG13074 (figure 1F, Transgène) par

*Bam*HI/*Bgl*II (dans React 3 Buffer, Invitrogen)

- Ligature (T4 DNA ligase), transformation bactérienne (souche 5K)
- Sélection des clones bactériens sur milieu LB + ampicilline (100 µg/ml)
- Maxi-préparation plasmidique (Qiagen) d'un clone positif après analyse de restriction
- 5 - Analyse de restriction : digestion par *Sma*I et obtention de fragments de : 4940, 1305 et 230 pb
- Obtention du plasmide pIV267 (figure 1G)
- Digestion du plasmide ainsi obtenu pIV267 par *Cla*I/*Mun*I (dans React 1 Buffer, Invitrogen)
- 10 - Traitement par la DNA Polymerase I, Large (Klenow) Fragment (dans React 2 Buffer, Invitrogen)
- Ligature (T4 DNA Ligase)
- Transformation bactérienne (souche 5K)
- Sélection des clones bactériens sur milieu LB + ampicilline (100 µg/ml)
- 15 - Maxi-préparation plasmidique (Qiagen)
- Analyse de restriction : digestion par *Sma*I et obtention de fragments de : 4692, 1305 et 230 pb
- Obtention du plasmide pIV270, plasmide de transfert permettant le clonage dans la région E3 de l'adénovirus d'une séquence codante sous le contrôle du promoteur CMV
- 20 (figure 1H).

### 3.2 Remplacement du promoteur CMV par le promoteur SV40 dans pIV270

On a effectué les étapes suivantes :

- Amplification par PCR du fragment nucléotidique correspondant au promoteur SV40, à partir du plasmide commercial pcDNAHygro (Clonetech) grâce aux oligonucléotides
- 25 suivants:
- oIV232: 5'-GGG GGG AGA TCT CCA GCA GGC AGA AGT ATG-3' (SEQ ID N°11)
- oIV233: 5'-GGG GGG GTC GAC CGA AAA TGG ATA TAC AAG CTC-3' (SEQ ID N°12)
- 30 et selon le mode opératoire décrit dans le point 2.1 ci-dessus, à ceci près qu'on a utilisé une température de 58°C à la place de 62°C



- Digestion enzymatique de pIV270 par *BglII/SaII* (dans React 10 Buffer, Invitrogen)
  - Digestion enzymatique du fragment de PCR par *BglII/SaII*
  - Ligature (T4 DNA ligase), transformation bactérienne (souche 5K)
  - Sélection des clones bactériens sur milieu LB + ampicilline (100 µg/ml)
  - 5 - Maxi-préparation plasmidique (Qiagen) d'un clone positif après analyse de restriction
  - Analyse de restriction : digestion par *SmaI* et obtention de fragments de : 4692, 719, 80 et 230 pb
  - Obtention du plasmide pIV330, plasmide de transfert permettant le clonage dans la région E3 de l'adénovirus d'une séquence codante sous le contrôle du promoteur SV40
  - 10 (figure 1I).
- 3.3 Insertion du fragment de PCR NS5b dans le plasmide de transfert pIV330
- On a effectué les étapes suivantes :
- Amplification par PCR de la séquence nucléotidique codant pour la protéine NS5b (SEQ ID N°3 et 4) grâce aux oligonucléotides suivants:
  - 15 - oIV212: 5'-GGG GGG TCT AGA ATG TCA ATG TCC TAC ACA TGG AC-3' (SEQ ID N°13)
  - oIV218: 5'-GGG GGG TCT AGA TTA CCG GTT GGG GAG CAG GT-3' (SEQ ID N°14)
- et selon le mode opératoire décrit dans le point 2.1 ci-dessus, à ceci près qu'on a utilisé
- 20 une température de 60°C à la place de 62°C
- Digestion enzymatique du plasmide pIV330 obtenu ci-dessus par *XbaI* (dans React 2 Buffer, Invitrogen)
  - Digestion enzymatique du fragment de PCR par *XbaI*
  - Ligature (T4 DNA Ligase), transformation bactérienne (souche 5K)
  - 25 - Sélection des clones bactériens sur milieu LB + ampicilline (100 µg/ml)
  - Maxi-préparation plasmidique (Qiagen) d'un clone positif après analyse de restriction
  - Analyse de restriction : digestion par *SmaI* et obtention de fragments de : 4692, 1505, 760, 719 et 230 pb
  - Obtention du plasmide pIV336, plasmide de transfert dans la délétion E3 contenant la
  - 30 séquence NS5b sous le contrôle du promoteur SV40 (figure 1J)



### 3.4 Recombinaison homologue avec le génome adénoviral recombinant pIV317 pour obtenir l'adénovirus du titre

On a mis en œuvre les étapes suivantes :

- Digestion du plasmide pIV317 obtenu dans le point 2.3 ci-dessus par *SrfI* (dans 5 Universal Buffer, Stratagene)
- Digestion du plasmide pIV336 obtenu dans le point 3.3 par *NheI/SacII* (dans Buffer T, Amersham Pharmacia Biotech) et isolement sur gel d'agarose du fragment contenant la cassette pSV40-NS5b
- Transformation bactérienne (souche BJ) pour effectuer la recombinaison homologue 10 entre les deux fragments plasmidiques
- Sélection des clones bactériens sur milieu LB + ampicilline (100 µg/ml)
- Maxi-préparation plasmidique (Qiagen) d'un clone positif après analyse de restriction
- Analyse de restriction : digestion par *SmaI* et obtention de fragments de : 6480, 4456, 3814, 3540, 3386, 2739, 2463, 2263, 2164, 1455, 1398, 1105, 909, 760, 719, 621, 230, 15 214 et 180 pb
- Obtention du génome adénoviral complet souhaité, délété de la région E1, celle-ci ayant été remplacée par la cassette d'expression pCMV-NS3-NS4, et délété de la région E3, celle-ci ayant été remplacée par la cassette d'expression pSV40-NS5B (plasmide pIV342, figure 1K).

### 20 4 Confirmation de l'expression des antigènes insérés dans les différents adénovirus

L'expression des antigènes du VHC codés par les adénovirus AdNS3NS4, AdNS5b et AdNS3NS4NS5b a été vérifiée par Western blot après infection de cellules Huh7. Comme attendu, tous les antigènes ont été exprimés.

25

### Exemple 2 : Préparation d'un poxvirus permettant l'expression des protéines NS3/NS4 et NS5b selon l'invention

#### 1 Poxvirus MVA

La souche Modified Virus Ankara MVATG N33 a été fourni par TRANSGENE 30 S.A. (Strasbourg, France).

## 2 Préparation du plasmide de transfert permettant l'expression du gène NS3/NS4 sous le contrôle du promoteur ph5r

2.1 Construction du vecteur pIV250 contenant les bras de recombinaison BRG2 et BRD2 du MVA, ainsi que le gène de sélection GPT sous le contrôle du promoteur ph5r (MVA), suivi d'un deuxième promoteur ph5r pour permettre l'expression du gène d'intérêt

Dans ce point, on souhaite l'insertion du fragment ph5r-GPT-BRG3-ph5r (provenant du plasmide pTG9997, Transgène) dans le plasmide pTG6018 (Transgène) contenant les bras de recombinaison BRG2 et BRD2.

Pour ce faire, on a effectué les étapes suivantes :

- Digestion enzymatique par *Bam*HI/*Sac*I (dans React 2 Buffer, Invitrogen) du vecteur pTG6018 (figure 2A)
- Digestion enzymatique par *Bam*HI, puis digestion partielle par *Sac*I du plasmide pTG9997 (figure 2B)
- Purification selon le protocole de QIAGEN du fragment de restriction de 1047 pb qui contient la séquence codant pour ph5r-GPT-BRG3-ph5r
- Ligation (T4 DNA Ligase), transformation bactérienne (souche TG1, Statagene)
- Sélection des clones bactériens sur ampicilline (100 µg/ml)
- Maxi-préparation plasmidique (Qiagen) d'un clone positif après analyse de restriction (*Eco*RV + *Hind*III (dans React 2 Buffer, Invitrogen) : fragments de 246, 439, 476, 826 et 2789 pb ; *Sac*I : fragments de 915 et 3861 pb)
- Obtention du plasmide visé (pIV250, figure 2C).

## 2.2 Amplification par PCR de la séquence nucléotidique codant pour la polyprotéine NS3/NS4

On a utilisé les oligonucléotides suivants :

oIV225: 5'- GGG GGG CTG CAG ATG GCG CCT ATC ACG GCC TA -3' (SEQ ID N°15)

oIV226: 5'- GGG GGG TCT AGA TTA GCA TGG CGT GGA GCA GT -3' (SEQ ID N°16)

et selon le mode opératoire décrit dans l'exemple 1, point 2.1 ci-dessus, à ceci près qu'on a utilisé une température de 52°C à la place de 62°C

### 2.3 Insertion du fragment de PCR NS3-NS4 dans le plasmide pIV250

Pour ce faire, on a effectué les étapes suivantes :

- Digestion enzymatique du plasmide pIV250 obtenu dans le point 2.1 ci-dessus par *PstI* (dans React 2 Buffer, Invitrogen)/*XbaI*
- 5 - Digestion enzymatique du fragment PCR NS3/NS4 par *PstI/XbaI*
- Ligation (T4 DNA Ligase), transformation bactérienne (souche TG1)
- Sélection des clones bactériens sur ampicilline (100 µg/ml)
- Maxi-préparation plasmidique (Qiagen) d'un clone positif après analyse de restriction : (*HindIII* (dans React 2 Buffer, Invitrogen) : fragments de 4763 et 2789 pb ;
- 10 *SphI* (dans React 6 Buffer, Invitrogen) : 1534 et 5991 pb ; *NcoI* (dans React 3 Buffer, Invitrogen) : 2764 et 4761 pb)
- Obtention du plasmide de transfert contenant la séquence codant pour la polyprotéine NS3/NS4 sous le contrôle du promoteur ph5r (pIV327, figure 2D).

### 3 Préparation du plasmide pIV328 permettant l'expression de la protéine

#### 15 NS5b sous le contrôle du promoteur p7.5

##### 3.1 Amplification par PCR de la séquence nucléotidique codant pour la protéine NS5b

On a utilisé les oligonucléotides suivants :

oIV227 : 5'- GGG GGG GTC GAC ATG TCA ATG TCC TAC ACA TGG AC -3' (SEQ ID N°17)

oIV228 : 5'- GGG GGG GCA TGC TTA CCG GTT GGG GAG CAG GT -3' (SEQ ID N°18)

et selon le mode opératoire décrit dans l'exemple 1, point 2.1 ci-dessus, à ceci près qu'on a utilisé une température de 52°C à la place de 62°C

##### 25 3.2 Obtention du plasmide

On a effectué les étapes suivantes :

- Digestion enzymatique du fragment PCR codant pour NS5b par *SalI/SphI*
- Digestion enzymatique de pTG186 (figure 2E, Transgène) par *SalI/SphI*
- Déphosphorylation du vecteur pTG186 (phosphatase alcaline ROCHE)
- 30 - Ligation (T4 DNA Ligase), transformation bactérienne (souche TG1)
- Sélection des clones bactériens sur ampicilline (100 µg/ml)

- Maxi-préparation plasmidique (Qiagen) d'un clone positif après analyse de restriction : (*Hind*III : fragments de 1984, 2627 et 4437 pb ; *Bgl*II : fragments de 321, 557, 1361, 1451, 2237 et 3121 pb ; *Kpn*I (dans React 4 Buffer, Invitrogen) : fragments de : 2787 et 6261 pb)

- 5 - Obtention du plasmide de transfert contenant la séquence codant pour le polypeptide NS5b sous le contrôle du promoteur p7.5 (pIV328, figure 2F)

**4 Préparation des plasmides de transfert pIV329 et pIV344 permettant l'expression du gène codant pour la polyprotéine NS3/NS4 sous le contrôle du promoteur ph5r et du gène codant pour la protéine NS5b sous le contrôle du promoteur p7.5**

Pour ce faire, on a mis en œuvre les étapes suivantes :

- Amplification par PCR de la séquence nucléotidique codant pour la protéine NS5b à partir du plasmide pIV328 obtenu dans le point 3.2 ci-dessus en utilisant les oligonucléotides suivants:

- 15 oIV229 : 5'- GGG GGG TCT AGA CCG GTA GTT CGC ATA TAC ATA -3' (SEQ ID N°19)

oIV218 : 5'- GGG GGG TCT AGA TTA CCG GTT GGG GAG CAG GT-3' (SEQ ID N°14)

- et selon le mode opératoire décrit dans l'exemple 1, point 2.1 ci-dessus, à ceci près  
20 qu'on a utilisé une température de 50°C à la place de 62°C

- Digestion enzymatique du fragment de PCR par *Xba*I

- Digestion enzymatique du plasmide pIV327 obtenu dans le point 2.3 ci-dessus par *Xba*I

- Ligature (T4 DNA Ligase), transformation bactérienne (souche TG1)

- 25 - Sélection des clones bactériens sur ampicilline (100 µg/ml)

- Maxi préparation plasmidique (Qiagen) de 2 clones positifs après analyse de restriction : (*Pst*I : pIV329 : fragments de 3033 et 6466 pb, pIV344 : 4641 et 4858 pb ; *Apa*I (dans React 4 Buffer, Invitrogen) : pIV329 : 454, 960 et 8085 pb, pIV344 : 454, 1418 et 7627 pb ; *Nco*I : pIV329 : 4269, 469 et 4761 pb , pIV344 : 3053, 1685 et 4761  
30 pb ; *Sma*I : pIV329 : 214, 2164, 1444 et 5677 pb, pIV344 : 214, 2164, 928 et 6193 pb)

- Obtention soit du plasmide de transfert permettant l'expression de la polyprotéine

NS3/NS4 sous le contrôle du promoteur ph5r et de la protéine NS5b sous le contrôle du promoteur p7.5, les 2 cassettes d'expression étant orientées dans le même sens (pIV329, figure 2G), soit du plasmide de transfert permettant l'expression de la polyprotéine NS3/NS4 sous le contrôle du promoteur ph5r et de la protéine NS5b sous le contrôle du promoteur p7.5, les 2 cassettes d'expression étant orientées en sens opposés (pIV344, figure 2H).

### **5 Confirmation de l'expression des antigènes insérés dans les différents poxvirus**

On a vérifié par Western blot, après infection de cellules Huh7 avec les poxvirus concernés, que les poxvirus pIV329 et pIV344, contenant les séquences codant pour la polyprotéine NS3NS4 et le polypeptide NS5b, exprimaient ces dits antigènes du VHC.

### **Exemple 3 : Mise en évidence de l'immunogénicité de la combinaison NS3/NS4 et NS5b**

#### **1 Immunisation des souris**

On a immunisé des souris transgéniques HLA-A2.1, une fois, par injection intra-musculaire d'au moins un adénovirus choisi parmi les adénovirus suivants :

- AdNS3NS4 préparé dans l'exemple 1 ci-dessus (point 2.3),
- AdNS5b préparé dans l'exemple 1 ci-dessus (point 3.3),
- AdNS5a préparé selon le mode opératoire de l'exemple 1, point 2, à ceci près qu'on a utilisé les amorces nucléotidiques suivantes pour amplifier la séquence nucléotidique codant pour le polypeptide NS5a (SEQ ID N°5 et 6) :

oIV172: 5'-GGG GGG GGT ACC ATG TCC GGC TCG TGG CTA AGG-3' (SEQ ID N°20)

oIV173: 5'-GGG GGG TCT AGA TTA GCA GCA GAC GAT GTC GTC-3' (SEQ ID N°21),

qu'on a remplacé dans la PCR la température de 62°C par 56°C, que la digestion enzymatique de pTG13387 et du fragment NS5a a été mise en œuvre par *KpnI/XbaI*, l'analyse de restriction par digestion par *SmaI* de pTG13387 donnant les fragments de 180 et 7251 pb et de pTG6624 donnant les fragments de 2263, 621, 5615, 180, 2463, 6480, 1398, 4456, 1455, 3540, 3386, 230 et 3685 pb



- AdCE1E2 selon le mode opératoire de l'exemple 1, point 2, à ceci près qu'on a utilisé les amorces nucléotidiques suivantes pour amplifier la séquence nucléotidique codant pour la polyprotéine Core-E1-E2 (autrement appelée CE1E2) (SEQ ID N°7 et 8) :

5 oIV62: 5'-GGG GGG GCT AGC ATG AGC ACA AAT CCT AAA CCT-3' (SEQ ID N°22)

oIV68: 5'-GGG GGG TCT AGA TCA GGC CTC AGC CTG GGC TAT-3' (SEQ ID N°23),

qu'on a remplacé dans la PCR la température de 62°C par 56°C, que la digestion enzymatique de pTG13387 et du fragment CE1E2 a été mise en œuvre par *NheI/XbaI*,  
10 l'analyse de restriction par digestion par *SmaI* de pTG13387 donnant les fragments de 163, 435, 2270, 180 et 5254 pb et de pTG6624 donnant les fragments de 2263, 621, 3618, 163, 435, 2270, 180, 2463, 6480, 1398, 4456, 1455, 3540, 3386, 230 et 3685 pb, et

15 - Ad $\beta$ Gal (Transgène),

selon le protocole suivant :

- 10<sup>9</sup> pfu d'AdNS3NS4 ou
- 10<sup>9</sup> pfu d'AdNS5b ou
- 10<sup>9</sup> pfu d'AdCE1CE2 ou
- 20 - 10<sup>9</sup> pfu d'AdNS3NS4 et 10<sup>9</sup> pfu d'AdNS5b ou
- 10<sup>9</sup> pfu d'AdNS3NS4, 10<sup>9</sup> pfu d'AdNS5b et 10<sup>9</sup> pfu d'AdNS5a
- 10<sup>9</sup> pfu d'AdNS3NS4, 10<sup>9</sup> pfu d'AdNS5b et 10<sup>9</sup> pfu d'AdCE1E2 ou
- 10<sup>9</sup> pfu d'Ad $\beta$ -Gal à titre de témoin.

Avant immunisation, on a vérifié, par Western blot, l'expression des antigènes  
25 du VHC et de  $\beta$ -Gal par les différents adénovirus utilisés pour l'immunisation.

## **2 Tests CTL et ELISPOT**

Quinze jours après l'injection, on a analysé la réponse cellulaire en isolant les cellules de la rate (splénocytes) des souris et on a effectué un test CTL et un test ELISPOT comme suit :

30 Pour le test CTL, on a cultivé ces splénocytes en plaque 24 puits en présence de :

- 5  $\mu$ M de l'épitope GLL (GLLGCIITSL, SEQ ID N°24) dans le cas des splénocytes provenant de souris ayant reçu AdNS3NS4, 5  $\mu$ M de l'épitope ALY (ALYDVVSTL, SEQ ID N°25) ou 5  $\mu$ M de l'épitope KLQ (KLQDCTMLV, SEQ ID N°26) dans le cas des splénocytes provenant de souris ayant reçu AdNS5b ou de 5  $\mu$ M de l'épitope DLM (DLMGYIPLV, SEQ ID N°27) dans le cas des splénocytes provenant de souris ayant  
 5 reçu AdCE1E2, lesdits épitopes étant sous la forme de peptide synthétique (Eurogentex), et

- 10 U d'interleukine 2 recombinante murine (Brinster et al., Hepatology 2001) par ml dans du milieu minimum essentiel alpha ( $\alpha$ MEM) pendant 5 jours. Au 5<sup>ème</sup> jour, on a  
 10 effectué l'étape de restimulation qui consiste à rajouter aux splénocytes en culture des splénocytes de souris naïves en présence desdits épitopes pendant 2 jours. Au 7<sup>ème</sup> jour, on a réalisé le test CTL en lui-même qui consiste à mettre en présence les splénocytes des souris immunisées après les 7 jours de culture (cellules effectrices) et des cellules EL4 S3-Rob HDD chargées avec 10 $\mu$ M desdits épitopes et marquées au Cr<sup>51</sup> (cellules  
 15 cibles). On a déterminé l'activité cytotoxique spécifique des cellules effectrices par la mesure, après 4 h d'incubation avec les cellules cibles, du Cr<sup>51</sup> libéré suite à la lyse des cellules cibles en utilisant un appareil de comptage  $\gamma$ -Cobra II (Packard, Rungis, France). On a déterminé la libération spontanée et maximale à partir de puits contenant soit du milieu seul, soit du tampon de lyse (HCl 1N). On a calculé le pourcentage  
 20 spécifique de cytotoxicité par la formule :

(libération dans l'essai – libération spontanée)/(libération maximale – libération spontanée)  $\times$  100. On a déterminé la lyse spécifique d'épitope par la différence entre le pourcentage de lyse spécifique obtenu en présence ou en l'absence desdits épitopes.

On a effectué le test ELISPOT en cultivant les splénocytes pendant 48 h dans  
 25 des plaques 96 puits Multiscreen (Millipore) préalablement « coatées » avec de l'anticorps anti-interféron gamma (IFN $\gamma$ ) (10 $\mu$ g/ml final). On a mis en culture les splénocytes en présence de 10 $\mu$ M des épitopes appropriés, comme indiqué ci-dessus, et de 10 U d'interleukine 2 recombinante murine par ml dans du  $\alpha$ MEM. Pour le contrôle positif, on a cultivé les splénocytes en présence de concanavaline A (5  $\mu$ g/ml). Pour le  
 30 contrôle négatif, on a cultivé les splénocytes soit en présence d'un peptide non

spécifique appartenant à la protéine de capsid du VHC, de séquence DLMGYIPLV (également appelé peptide irrelevant), soit en milieu seul sans épitope. On a lavé les puits à trois reprises, respectivement avec du PBS-Tween 0,05% puis du PBS, opération suivie d'une incubation de 2 h avec des anticorps anti-IFN $\gamma$  de souris biotinylés. Après lavage, on a incubé les puits pendant 1 h avec un conjugué streptavidine-peroxydase de raifort et on a révélé l'activité enzymatique par dégradation du substrat AEC (aminoethylcarbazole). Les spots obtenus ont été comptés grâce à un lecteur ELISpot Zeiss (microscope Zeiss couplé au logiciel KS-ELISpot).

Les résultats sont indiqués sur les figures 3 à 5 sur lesquelles S correspond à souris et Souris neg correspond à la souris témoin.

Ces résultats mettent en évidence que

- l'AdNS3NS4 induit bien une réponse à médiation cellulaire spécifique des antigènes exprimés, comme illustré sur la figure 3A et 3B par la détection de lymphocytes T spécifiques de l'épitope GLL contenu dans NS3.
- l'AdNS5b induit bien une réponse à médiation cellulaire spécifique des antigènes exprimés, comme illustré sur la figure 4 par la détection de lymphocytes T spécifiques de l'épitope ALY et KLQ contenus dans NS5b.
- l'AdCE1E2 induit bien une réponse à médiation cellulaire spécifique des antigènes exprimés, comme illustré sur la figure 5 par la détection de lymphocytes T spécifiques de l'épitope DLM contenus dans la protéine Core.

### **3 Test d'épreuve *in vivo* à l'aide d'un virus vaccine recombinant**

Afin d'évaluer si les réponses immunes spécifiques induites par les différents adénovirus étaient capables d'induire une protection contre une épreuve infectieuse (« protection *in vivo* »), nous avons soumis les souris vaccinées à une telle épreuve.

La souris n'étant pas infectable directement par le VHC, nous avons utilisé, pour relier l'induction d'une réponse immunitaire spécifique et la résistance à une infection, un virus vaccine recombinant (souche WR) codant pour les protéines non structurales du VHC (NS2 à NS5b) pour réaliser cette épreuve. Ce virus recombinant de la vaccine, après injection intra-péritonéale de  $10^7$  pfu à la souris, va se répliquer chez l'animal. La réplication de ce virus induit une réponse immunitaire à la fois spécifique des antigènes de la vaccine et spécifique des antigènes du VHC, comme il exprime

aussi les protéines NS du VHC. Cette réponse spécifique des antigènes du VHC sera d'autant plus efficace et vigoureuse que les souris auront déjà reçu un vaccin exprimant les antigènes du VHC. En d'autres termes, plus la vaccination (dans le cas présent réalisée avec les adénovirus recombinants) aura été efficace (c'est-à-dire que le système  
 5 immun des souris aura été « primé » efficacement par le vaccin), plus la réponse anti-VHC générée après l'épreuve par le virus recombinant de la vaccine sera forte et, par voie de conséquence, plus les souris seront « protégées » contre cette épreuve. En pratique, plus le taux résiduel de virus de la vaccine dans les souris sera faible, plus la protection ou la neutralisation due à la vaccination aura été efficace.

10 La neutralisation du virus vaccine reflète à la fois la réponse cellulaire induite par les protéines du VHC et par les protéines de la vaccine. La neutralisation est évaluée par titration du virus vaccine résiduel à partir des ovaires des animaux comme suit : les ovaires sont prélevés à 4 jours post-épreuve, soniqués, congelés-décongelés 3 fois puis après centrifugation, des dilutions successives de surnageant sont titrées selon  
 15 la technique des plages de lyse (Murata et al., PNAS, vol. 100, p.6753-6758) sur cellules Hutk-. Les titres viraux sont déterminés en pfu/ml/mg d'ovaire.

On a déterminé le titre de virus recombinant de la vaccine pour 4 groupes de 8 souris immunisées par les combinaisons d'adénovirus suivantes : AdNS3NS4 + AdNS5b (1<sup>er</sup> groupe), AdNS3NS4 + AdNS5b + AdNS5a (2<sup>ème</sup> groupe), AdNS3NS4 +  
 20 AdNS5b + AdCE1E2 (3<sup>ème</sup> groupe) et AdβGal (4<sup>ème</sup> groupe).

Les résultats, donnés sur la figure 6, sont traités de façon statistique en se basant sur le test non paramétrique de Mann Whitney Wilcoxon (Methodes Statistiques à l'usage des médecins et des biologistes, Collection Statistique en Biologie et en Médecine, Flammarion Medecine Sciences, (D. Schwartz), 1977) qui repose sur une  
 25 comparaison des moyennes, et permet la comparaison des valeurs de deux échantillons  $x$  et  $y$  indépendants.

Ce test est mis en œuvre comme suit : l'ensemble des valeurs des deux groupes  $x$  et  $y$  à comparer est classé de façon croissante. Un rang est ensuite attribué à chaque valeur, et la somme des rangs est effectuée. On obtient alors  $W_x$  et  $W_y$ . On calcule  
 30 alors une valeur de référence appelée  $(W_x)_t$  (valeur théorique dans l'hypothèse nulle où  $W_x$  n'est pas différent de  $W_y$ ) et liée par le rapport :  $n(N+1)/2$ , avec  $n$  = nombre de

souris testées dans le groupe  $x$  et  $N$  = nombre de souris testées dans les groupes  $x$  et  $y$ .

Si  $W_x$  est inférieur à  $(W_x)_t$  (taux résiduel de virus de la vaccine dans les souris faible), alors on peut conclure que la neutralisation due à la vaccination est significativement efficace.

- 5 Si nous prenons l'exemple du groupe AdNS3NS4S5b noté  $x$  comparé au groupe Ad $\beta$ Gal noté  $y$ , nous obtenons les valeurs suivantes :

$$W_x = 1+2+4+6+8+11+13+14 = 59 \text{ (8 souris testées)}$$

$$W_y = 3+5+7+9+10+12+15+16 = 77 \text{ (8 souris testées)}$$

Sous l'hypothèse nulle,  $W_x$  n'est pas différent de  $W_y$ , la valeur attendue est :

10  $(W_x)_t = (1/2) \cdot 8 \cdot 17 = 68$

$W_x < (W_x)_t$  ce qui signifie que les valeurs obtenues dans le groupe AdNS3NS4NS5b sont plus petites que celles obtenues dans le groupe Ad $\beta$ Gal et que la neutralisation due à la vaccination est significativement efficace.

- Les valeurs statistiques pour les autres groupes de souris sont indiquées dans le  
15 tableau ci-dessous :

Tableau

Groupe/Ad $\beta$ Gal	$W_x$	$(W_x)_t$
AdNS3NS4+NS5b	52	68
AdNS3NS4+NS5b+ NS5a	68	68
AdNS3NS4+NS5b+ CE1E2	74	68

- Les valeurs dans le tableau ci-dessus montrent que seule une vaccination des  
souris par la combinaison des Adénovirus NS3NS4 et adénovirus NS5b est capable  
20 d'induire une neutralisation significative de la réplication du virus de la vaccine utilisé  
dans l'épreuve par rapport au groupe de souris contrôle vacciné par l'Ad $\beta$ Gal. Les  
vaccinations réalisées en utilisant les combinaisons comprenant (AdNS3NS4 +  
AdNS5b + AdNS5a) ou (AdNS3/NS4 + AdNS5b + AdCE1E2), n'aboutissent pas à une  
différence significative par rapport au groupe de souris contrôle immunisé par Ad $\beta$ Gal.

Ces résultats permettent donc de mettre en évidence, de façon inattendue, la protection supérieure d'une vaccination combinant la polyprotéine NS3NS4 et le polypeptide NS5b.

## REVENDECATIONS

1. Composition peptidique caractérisée en ce qu'elle comprend une polyprotéine NS3/NS4 du virus de l'hépatite C, ainsi qu'un polypeptide NS5b du virus de l'hépatite C.

2. Composition peptidique selon la revendication 1, caractérisée en ce que NS3 et/ou NS4 et/ou NS5b proviennent de virus de génotypes différents.

3. Composition peptidique selon la revendication 1, caractérisée en ce que NS3, NS4 et NS5b proviennent d'un virus de même génotype, de préférence de génotype 1b.

4. Vecteur d'expression caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléotidique codant pour la polyprotéine NS3/NS4 et une séquence nucléotidique codant pour le polypeptide NS5b, ainsi que les moyens nécessaires à leur expression.

5. Vecteur d'expression selon la revendication 4, caractérisé en ce que les séquences nucléotidiques codent pour une polyprotéine et un polypeptide issus de virus de génotypes différents.

6. Vecteur d'expression selon la revendication 4, caractérisé en ce que les séquences nucléotidiques codent pour une polyprotéine et un polypeptide issus d'un virus de même génotype, de préférence le génotype 1b.

7. Vecteur d'expression selon l'une quelconque des revendications 4 à 6, caractérisé en ce que ce vecteur est un adénovirus.

8. Vecteur d'expression selon la revendication 7, caractérisé en ce que le génome de l'adénovirus est modifié de façon à remplacer la région E1 par la cassette d'expression CMV-NS3-NS4 et à remplacer la région E3 par la cassette d'expression SV40-NS5b.

9. Vecteur d'expression selon l'une quelconque des revendications 4 à 6, caractérisé en ce que ce vecteur est un poxvirus.

5           10. Vecteur d'expression selon la revendication 9, caractérisé en ce que le génome du poxvirus est modifié de façon à insérer la cassette d'expression ph5r-NS3-NS4 et à insérer la cassette d'expression p7.5-NS5b.

10           11. Microorganisme ou cellule hôte transformé par un vecteur d'expression tel que défini dans l'une quelconque des revendications 4 à 10.

12. Anticorps dirigés contre la composition peptidique telle que définie dans l'une quelconque des revendications 1 à 3 ou contre les vecteurs d'expression tels que définis dans l'une quelconque des revendications 4 à 10.

15           13. Utilisation d'une composition peptidique telle que définie dans l'une quelconque des revendications 1 à 3, ou bien d'un vecteur d'expression tel que défini dans l'une quelconque des revendication 4 à 10, ou bien les séquences nucléotidiques codant pour ladite polyprotéine NS3/NS4 et ledit polypeptide NS5b correspondant aux  
20           séquences contenues dans les vecteurs d'expression tels que définis dans l'une quelconque des revendication 4 à 10, placées sous le contrôle d'éléments nécessaires à une expression constitutive et/ou inductible desdits peptides, ou bien des anticorps tels que définis dans la revendication 12, pour la préparation d'un médicament destiné à  
25           l'inhibition, la prévention ou le contrôle d'une infection provoquée par le virus de l'hépatite C chez un animal, de préférence l'homme.

14. Composition pharmaceutique, notamment vaccin, comprenant à titre de substance active la composition peptidique telle que définie dans les revendications 1 à 3, ou bien un vecteur d'expression tel que défini dans l'une quelconque des  
30           revendication 4 à 10, ou bien au moins un anticorps tel que défini dans la revendication 12.



15. Composition pharmaceutique selon la revendication 14, caractérisée en ce qu'elle comprend également un véhicule pharmaceutiquement approprié.

5           16. Kit pharmaceutique, notamment vaccinal, caractérisé en ce qu'il comprend un vecteur d'expression tel que défini dans la revendication 7 ou 8 et un vecteur d'expression tel que défini la revendication 9 ou 10.

10           17. Kit pharmaceutique, notamment vaccinal, comprenant au moins un vecteur d'expression tel que défini dans l'une quelconque des revendications 4 à 10 et

- (i) au moins une composition peptidique telle que définie dans les revendications 1 à 3 ou
- (ii) des anticorps tels que définis dans la revendication 12 ou
- (iii) au moins une séquence nucléotidique codant pour la polyprotéine NS3/NS4

15           et pour le polypeptide NS5b.

Figure 1

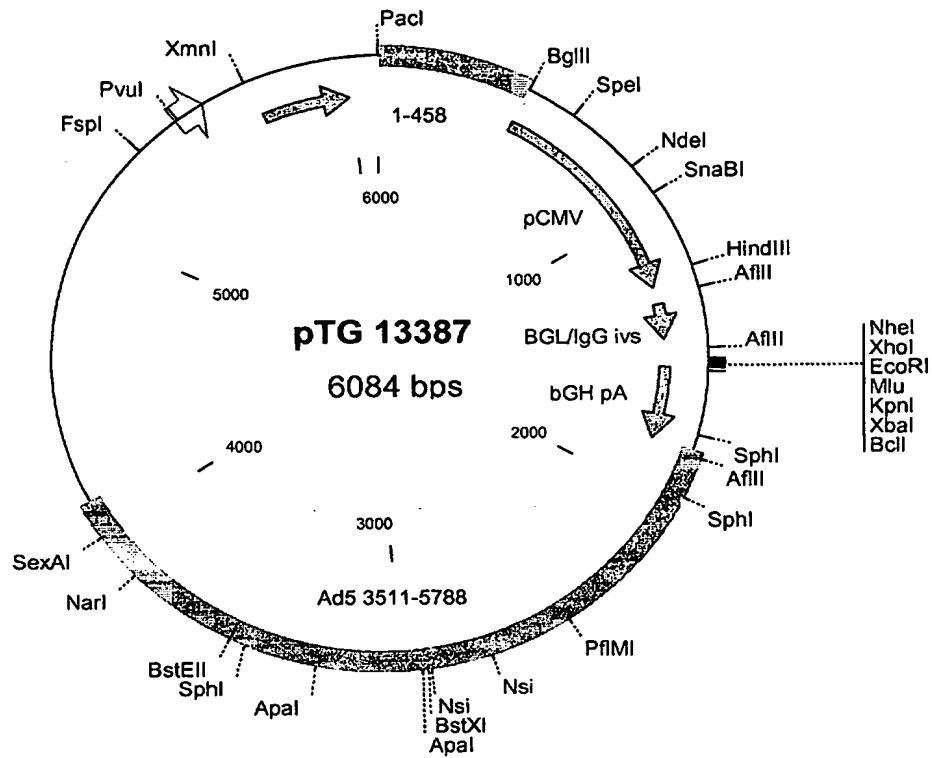


Figure 1A

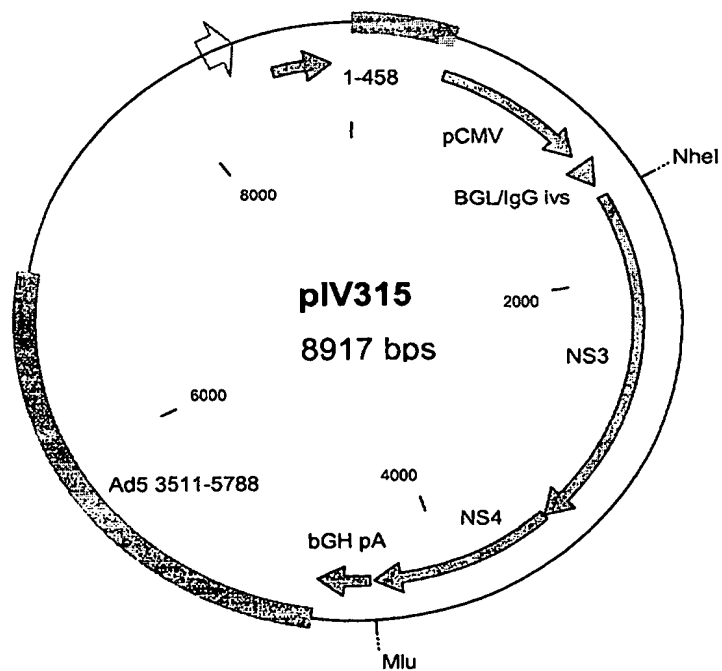


Figure 1B

2/17

Figure 1 (suite)

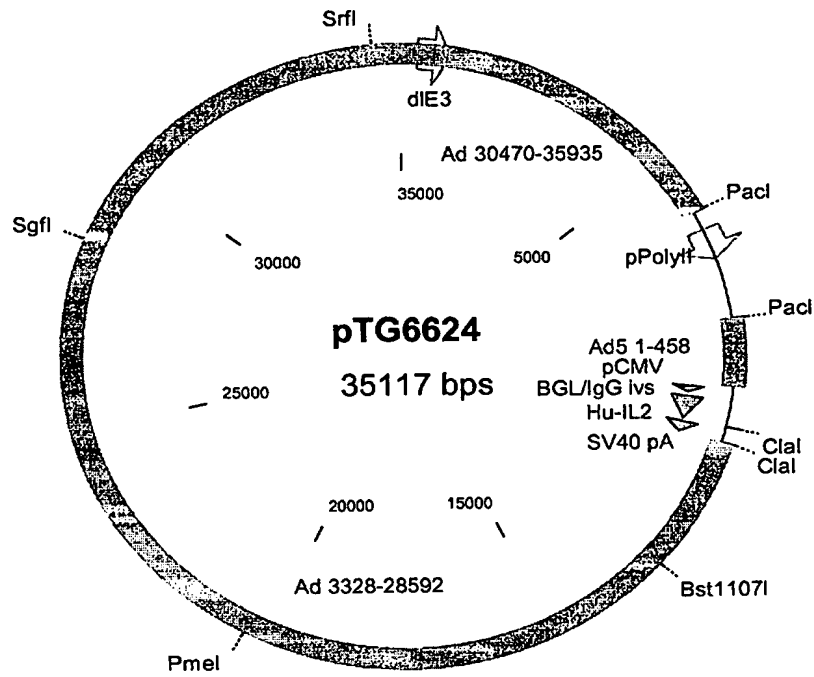


Figure 1C

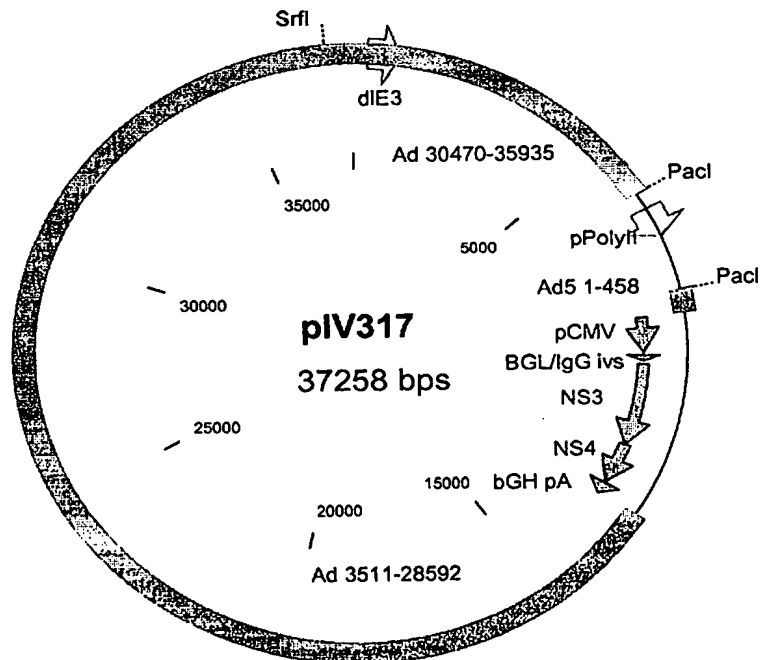


Figure 1D

3/17

Figure 1 (suite)

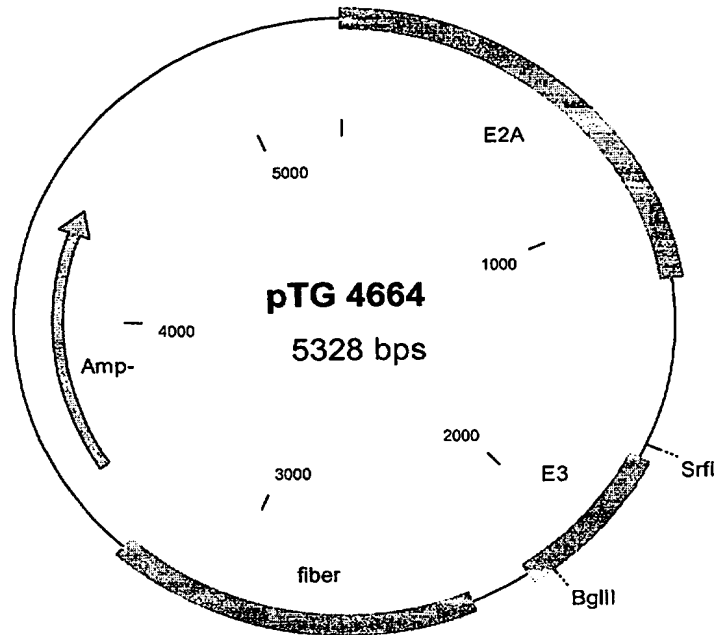


Figure 1E

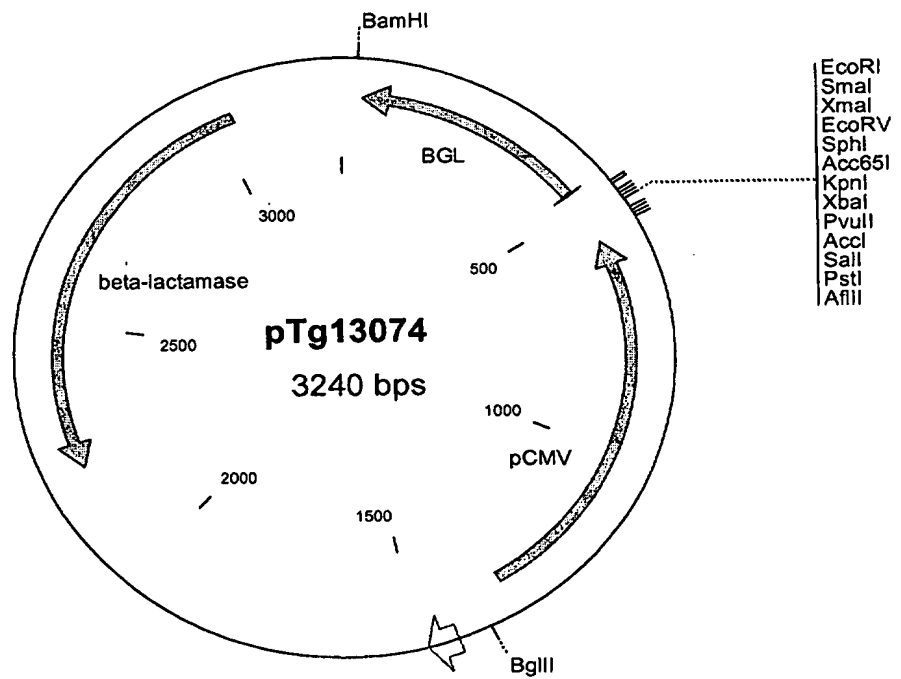


Figure 1F

4/17  
Figure 1 (suite)

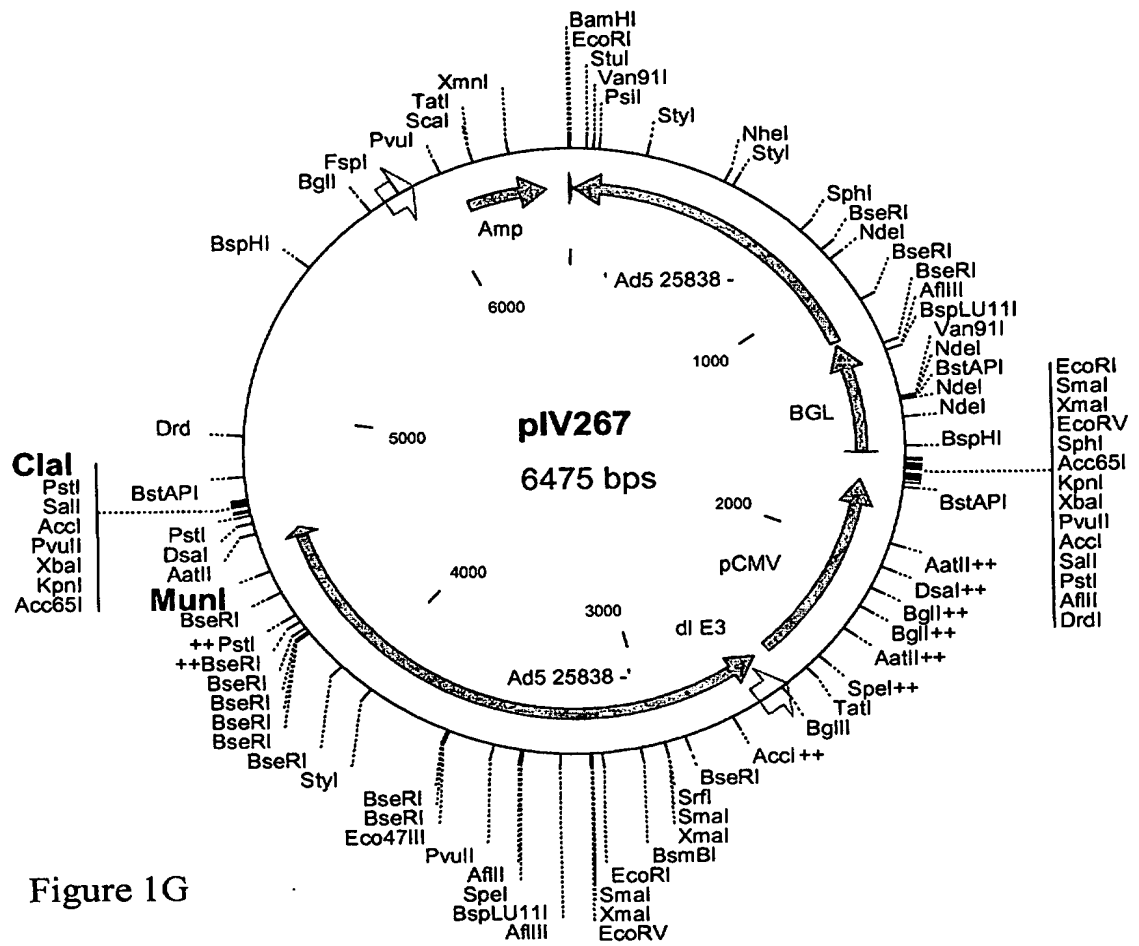


Figure 1G

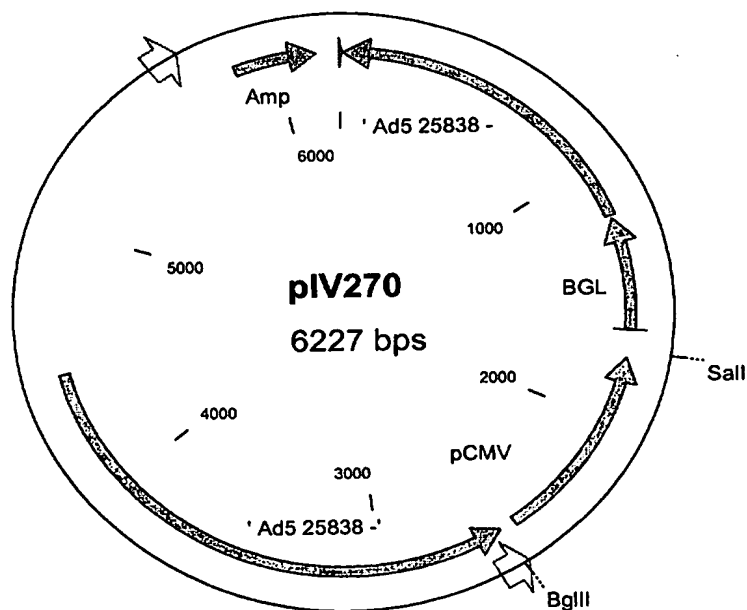


Figure 1H



Figure 1 (suite)

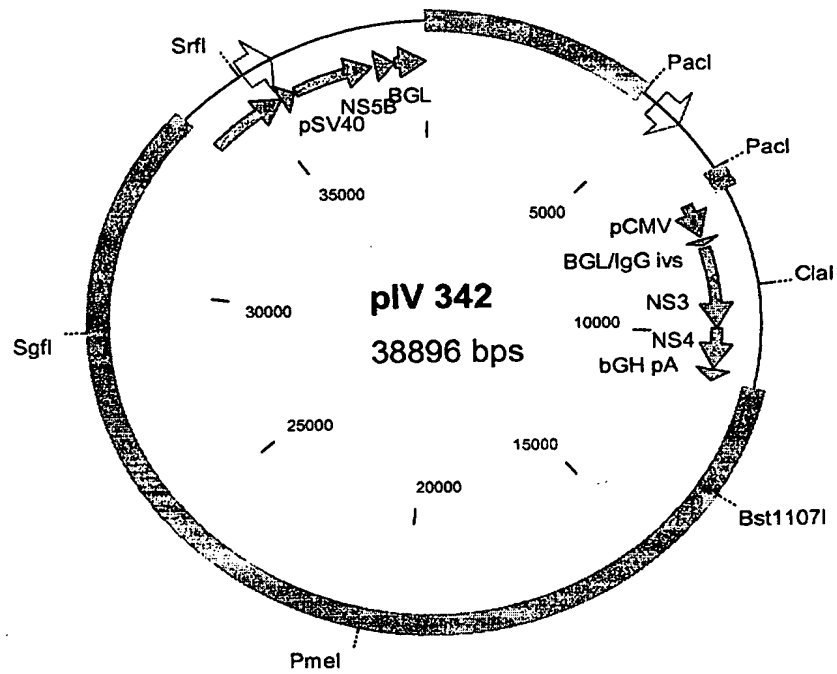


Figure 1K

7/17

Figure 2

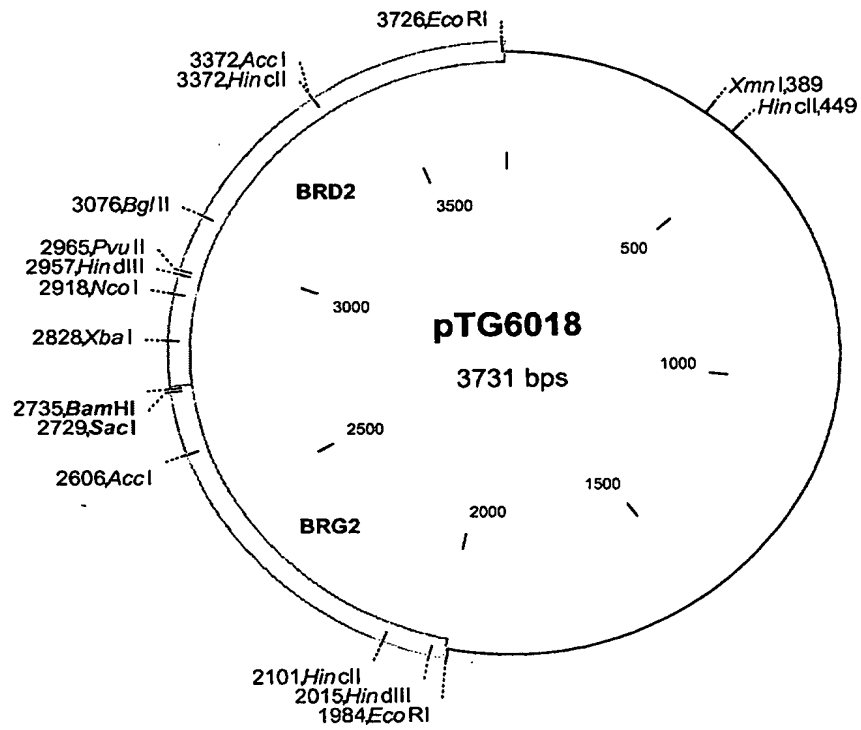


Figure 2A



8/17

Figure 2 (suite)

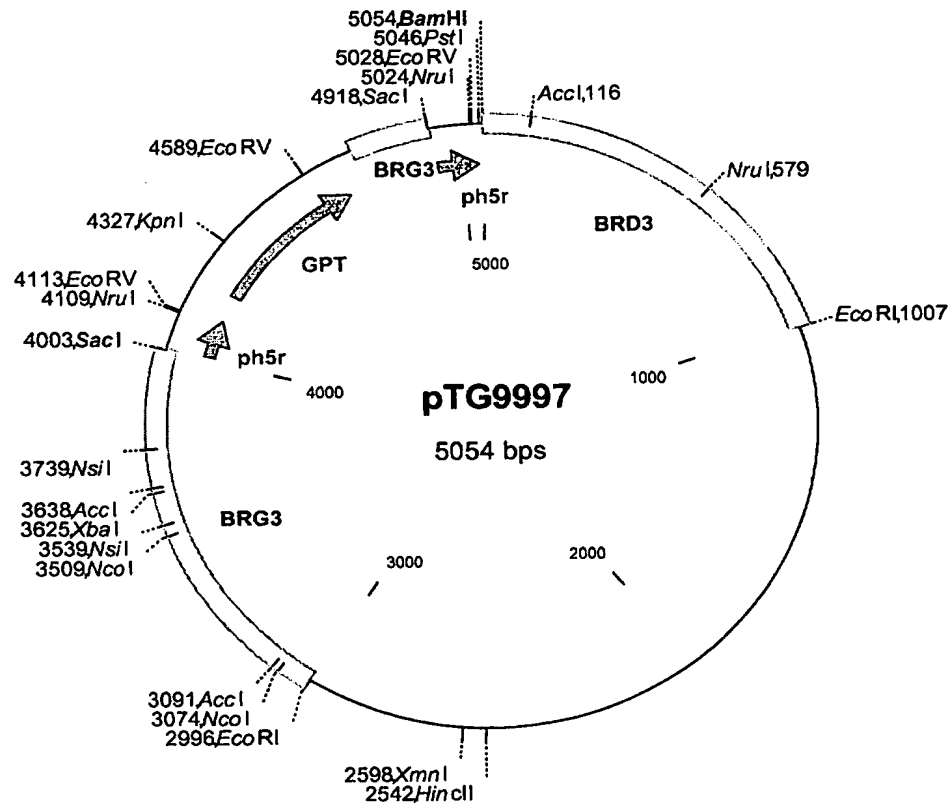


Figure 2B

9/17

Figure 2 (suite)

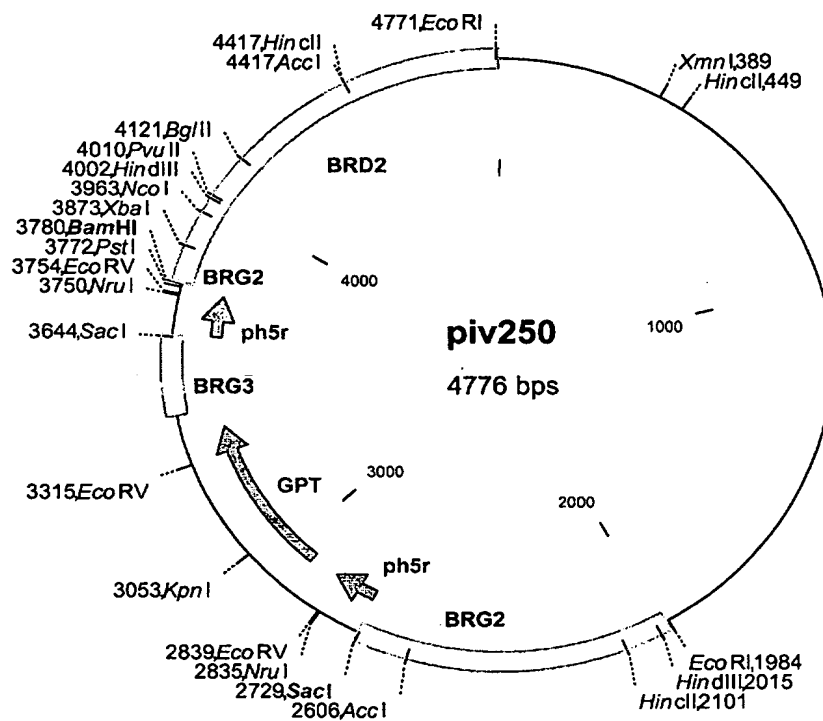


Figure 2C



11/17

Figure 2 (suite)

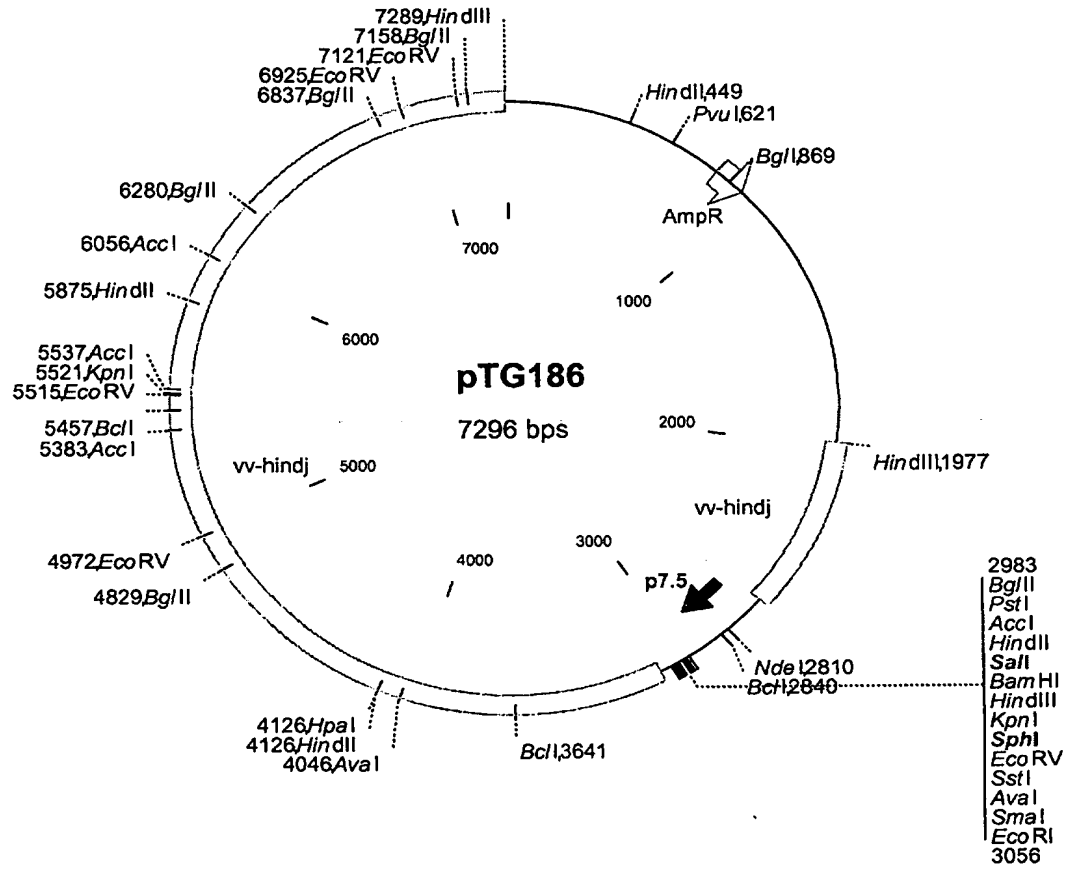


Figure 2E

12/17

Figure 2 (suite)

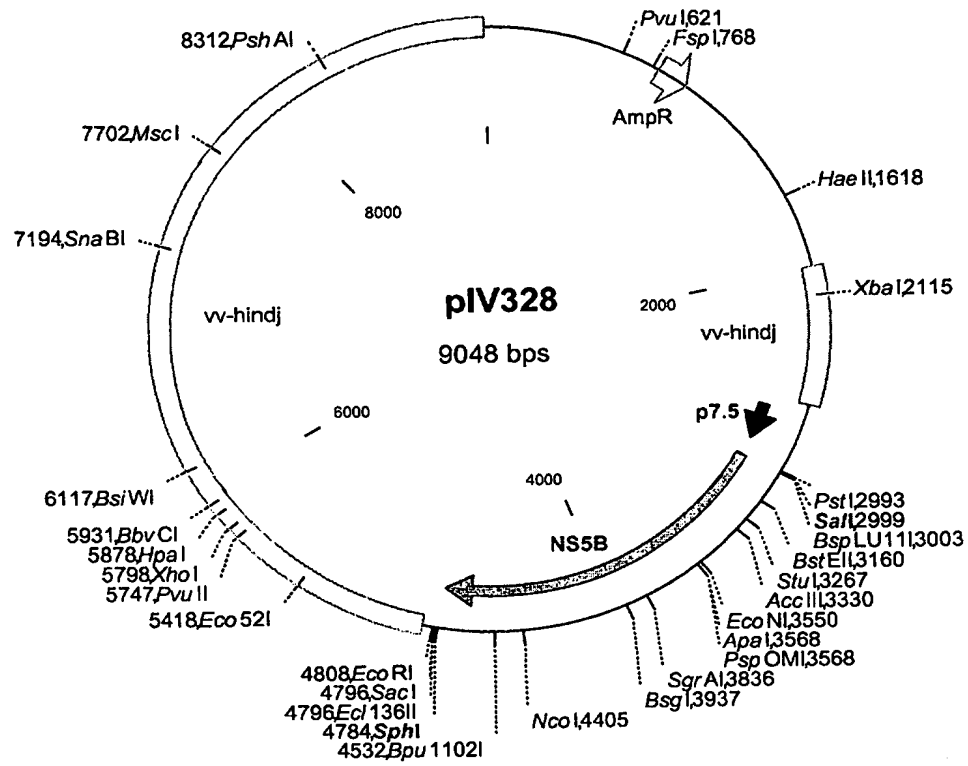


Figure 2F

Figure 2 (suite)

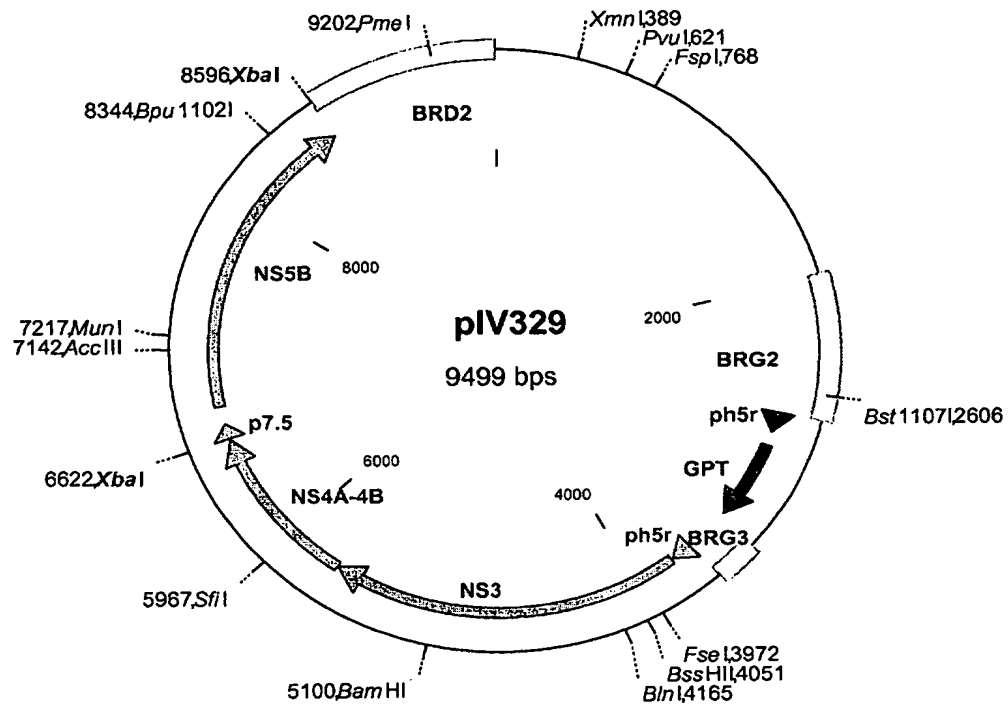


Figure 2G

14/17

Figure 2 (suite)

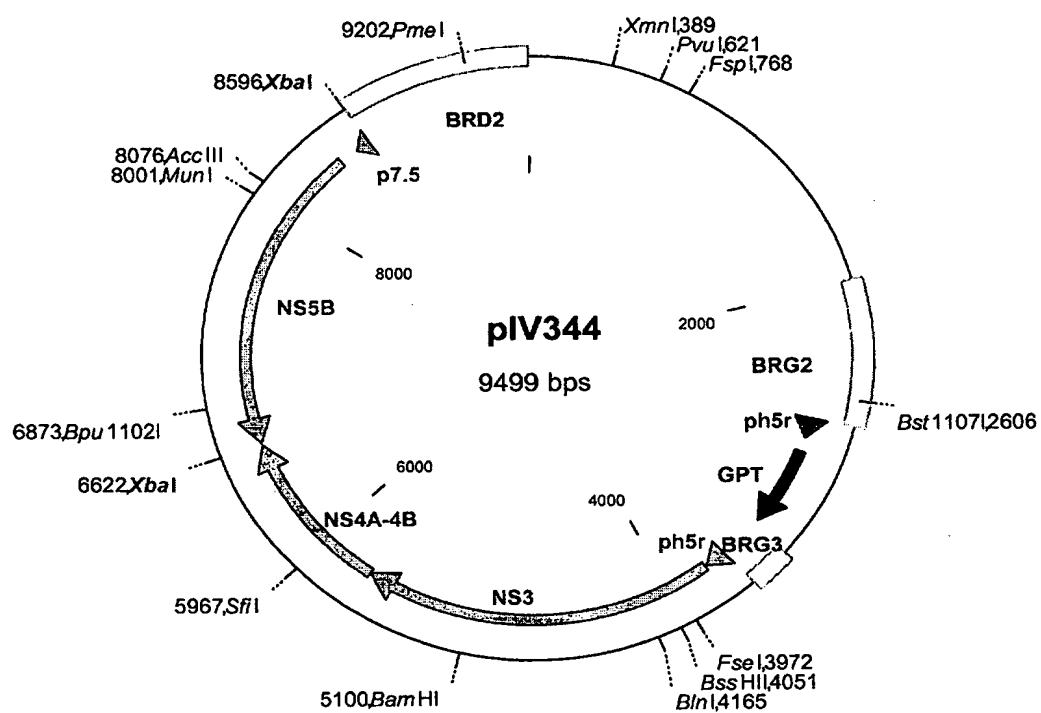
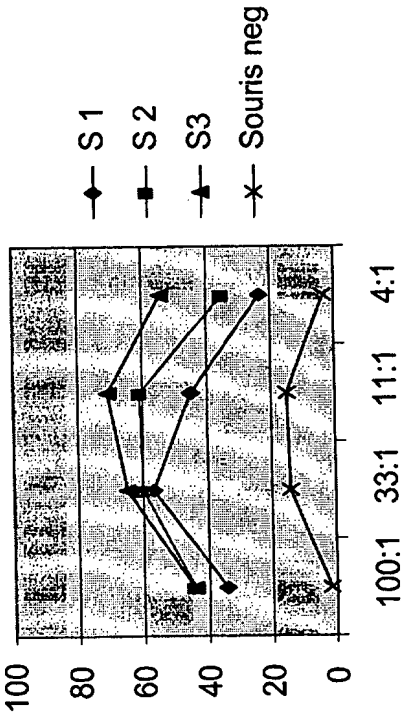


Figure 2H

Figure 3

Figure 3A



Rapport effecteurs:cible

Figure 3B

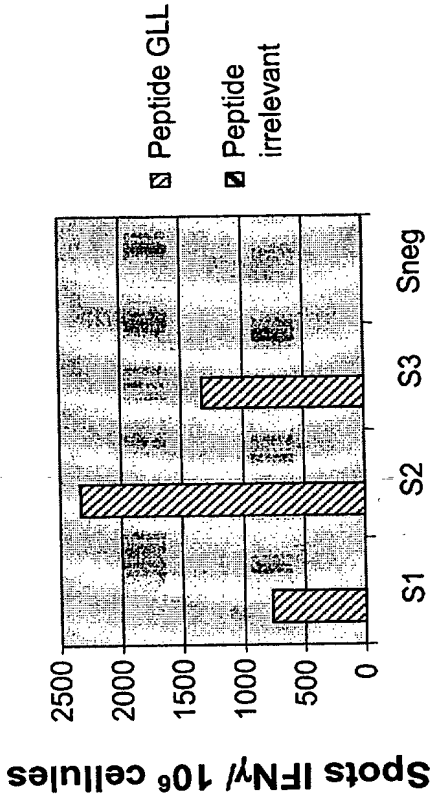




Figure 4

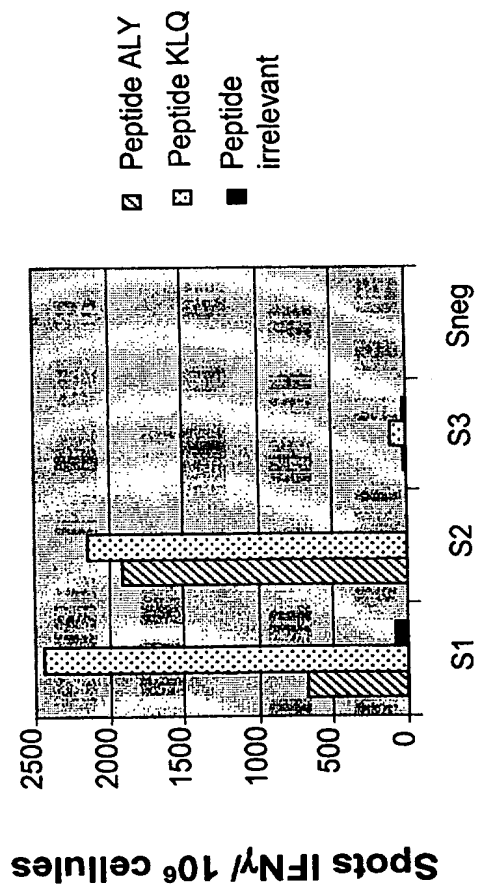


Figure 5

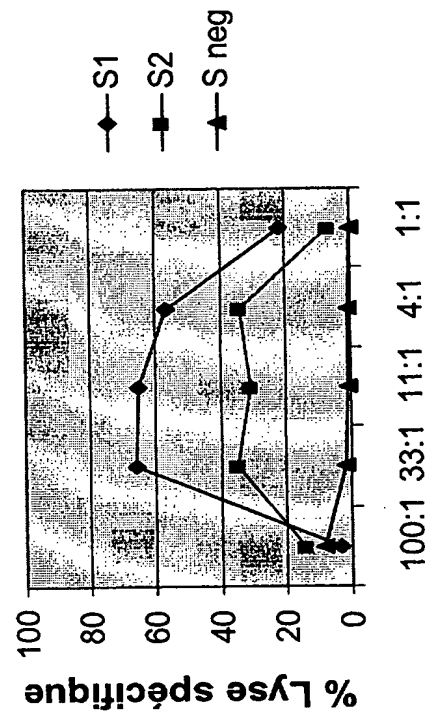
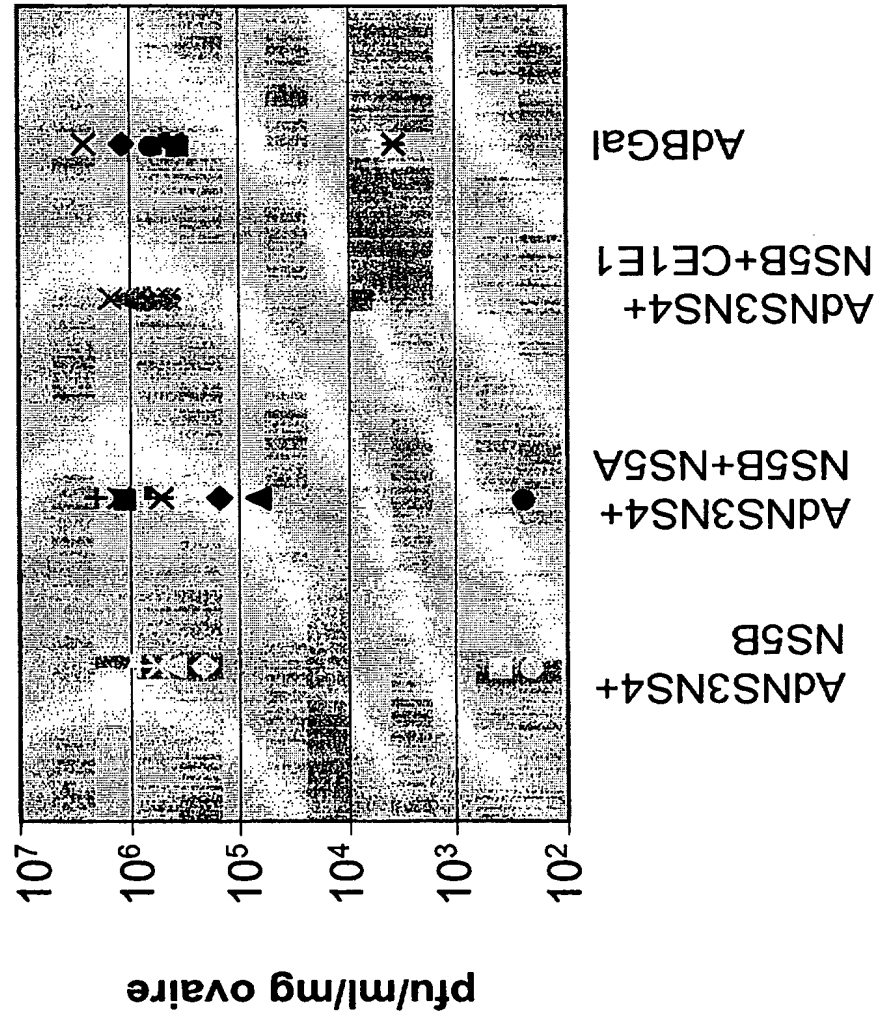


Figure 6



## SEQUENCE LISTING

<110> BIOMERIEUX  
INSTITUT NATIONAL DE LA SANTE ET DE LA RECHERCHE MEDICALE

<120> Composition comprenant la polyprotéine NS3/NS4 et le polypeptide NS5b du VHC, vecteurs d'expression incluant les séquences nucléiques correspondantes et leur utilisation en thérapeutique

<130> ADENOVIR

<160> 27

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 2844

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220>

<223> séquence codant pour NS3NS4

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(2844)

<223>

<400> 1

atg gcg cct atc acg gcc tat tcc caa caa acg cgg ggc ctg ctt ggc	48
Met Ala Pro Ile Thr Ala Tyr Ser Gln Gln Thr Arg Gly Leu Leu Gly	
1 5 10 15	

tgt atc atc act agc ctc aca ggt cgg gac aag aac cag gtc gat ggg	96
Cys Ile Ile Thr Ser Leu Thr Gly Arg Asp Lys Asn Gln Val Asp Gly	
20 25 30	

gag gtt cag gtg ctc tcc acc gca acg caa tct ttc ctg gcg acc tgc	144
Glu Val Gln Val Leu Ser Thr Ala Thr Gln Ser Phe Leu Ala Thr Cys	
35 40 45	

gtc aat ggc gtg tgt tgg acc gtc tac cat ggt gcc ggc tcg aag acc	192
Val Asn Gly Val Cys Trp Thr Val Tyr His Gly Ala Gly Ser Lys Thr	
50 55 60	

ctg gcc ggc ccg aag ggt cca atc acc caa atg tac acc aat gta gac	240
Leu Ala Gly Pro Lys Gly Pro Ile Thr Gln Met Tyr Thr Asn Val Asp	
65 70 75 80	

cag gac ctc gtc ggc tgg ccg gcg ccc ccc ggg gcg cgc tcc atg aca	288
Gln Asp Leu Val Gly Trp Pro Ala Pro Pro Gly Ala Arg Ser Met Thr	
85 90 95	

ccg tgc acc tgc ggc agc tcg gac ctt tac ttg gtc acg agg cat gcc	336
Pro Cys Thr Cys Gly Ser Ser Asp Leu Tyr Leu Val Thr Arg His Ala	
100 105 110	

gat gtc att ccg gtg cgc cgg cga ggc gac agc agg ggg agt cta ctc	384
Asp Val Ile Pro Val Arg Arg Arg Gly Asp Ser Arg Gly Ser Leu Leu	
115 120 125	

tcc cct agg ccc gtc tcc tac ctg aag ggc tcc tcg ggt gga cca ctg Ser Pro Arg Pro Val Ser Tyr Leu Lys Gly Ser Ser Gly Gly Pro Leu 130 135 140	432
ctt tgc cct tcg ggg cac gtt gta ggc atc ttc cgg gct gct gtg tgc Leu Cys Pro Ser Gly His Val Val Gly Ile Phe Arg Ala Ala Val Cys 145 150 155 160	480
acc cgg ggg gtt gcg aag gcg gtg gac ttc ata ccc gtt gag tct atg Thr Arg Gly Val Ala Lys Ala Val Asp Phe Ile Pro Val Glu Ser Met 165 170 175	528
gaa act acc atg cgg tct ccg gtc ttc aca gac aac tca tcc cct ccg Glu Thr Thr Met Arg Ser Pro Val Phe Thr Asp Asn Ser Ser Pro Pro 180 185 190	576
gcc gta ccg caa aca ttc caa gtg gca cat tta cac gct ccc act ggc Ala Val Pro Gln Thr Phe Gln Val Ala His Leu His Ala Pro Thr Gly 195 200 205	624
agc ggc aag agc acc aaa gtg ccg gct gca tat gca gcc caa ggg tac Ser Gly Lys Ser Thr Lys Val Pro Ala Ala Tyr Ala Ala Gln Gly Tyr 210 215 220	672
aag gtg ctc gtc cta aac ccg tcc gtt gct gcc aca ttg ggc ttt gga Lys Val Leu Val Leu Asn Pro Ser Val Ala Ala Thr Leu Gly Phe Gly 225 230 235 240	720
gcg tat atg tcc aag gca cat ggc atc gag cct aac atc aga act ggg Ala Tyr Met Ser Lys Ala His Gly Ile Glu Pro Asn Ile Arg Thr Gly 245 250 255	768
gta agg acc atc acc acg ggc ggc ccc atc acg tac tcc acc tat ggc Val Arg Thr Ile Thr Thr Gly Gly Pro Ile Thr Tyr Ser Thr Tyr Gly 260 265 270	816
aag ttc ctt gcc gac ggt gga tgc tcc ggg ggc gcc tat gac atc ata Lys Phe Leu Ala Asp Gly Gly Cys Ser Gly Gly Ala Tyr Asp Ile Ile 275 280 285	864
ata tgt gac gaa tgc cac tca act gac tgg aca acc atc ttg ggc atc Ile Cys Asp Glu Cys His Ser Thr Asp Trp Thr Thr Ile Leu Gly Ile 290 295 300	912
ggc aca gtc ctg gat cag gca gag acg gct gga gcg cgg ctc gtc gtg Gly Thr Val Leu Asp Gln Ala Glu Thr Ala Gly Ala Arg Leu Val Val 305 310 315 320	960
ctc gcc acc gcc acg cct ccg gga tcg atc acc gtg cca cac ccc aac Leu Ala Thr Ala Thr Pro Pro Gly Ser Ile Thr Val Pro His Pro Asn 325 330 335	1008
atc gag gaa gtg gcc ctg tcc aac act ggg gag att ccc ttc tat ggc Ile Glu Glu Val Ala Leu Ser Asn Thr Gly Glu Ile Pro Phe Tyr Gly 340 345 350	1056
aaa gcc atc ccc att gag gcc atc aag ggg gga agg cat ctc atc ttc Lys Ala Ile Pro Ile Glu Ala Ile Lys Gly Gly Arg His Leu Ile Phe 355 360 365	1104

tgc cat tcc aag aag aag tgt gac gag ctc gcc gca aag ctg aca ggc Cys His Ser Lys Lys Lys Cys Asp Glu Leu Ala Ala Lys Leu Thr Gly 370 375 380	1152
ctc gga ctc aat gct gta gcg tat tac cgg ggt ctc gat gtg tcc gtc Leu Gly Leu Asn Ala Val Ala Tyr Tyr Arg Gly Leu Asp Val Ser Val 385 390 395 400	1200
ata ccg act agc gga gac gtc gtt gtc gtg gca aca gac gct cta atg Ile Pro Thr Ser Gly Asp Val Val Val Val Ala Thr Asp Ala Leu Met 405 410 415	1248
acg ggc ttt acc ggc gac ttt gac tca gtg atc gac tgc aac aca tgt Thr Gly Phe Thr Gly Asp Phe Asp Ser Val Ile Asp Cys Asn Thr Cys 420 425 430	1296
gtc acc cag aca gtc gat ttc agc ttg gat ccc acc ttc acc att gag Val Thr Gln Thr Val Asp Phe Ser Leu Asp Pro Thr Phe Thr Ile Glu 435 440 445	1344
acg aca acc gtg ccc caa gac gcg gtg tcg cgc tcg cag cgg cga ggt Thr Thr Thr Val Pro Gln Asp Ala Val Ser Arg Ser Gln Arg Arg Gly 450 455 460	1392
agg act ggc agg ggc agg agt ggc atc tac agg ttt gtg act cca gga Arg Thr Gly Arg Gly Arg Ser Gly Ile Tyr Arg Phe Val Thr Pro Gly 465 470 475 480	1440
gaa cgg ccc tca ggc atg ttc gac tcc tcg gtc ctg tgt gag tgc tat Glu Arg Pro Ser Gly Met Phe Asp Ser Ser Val Leu Cys Glu Cys Tyr 485 490 495	1488
gac gca ggc tgc gct tgg tat gag ctc acg ccc gct gag act aca gtc Asp Ala Gly Cys Ala Trp Tyr Glu Leu Thr Pro Ala Glu Thr Thr Val 500 505 510	1536
agg ttg cgg gct tac ctg aat aca cca ggg ttg ccc gtc tgc cag gac Arg Leu Arg Ala Tyr Leu Asn Thr Pro Gly Leu Pro Val Cys Gln Asp 515 520 525	1584
cat ctg gag ttc tgg gaa agc gtc ttc aca ggc ctc acc cac ata gat His Leu Glu Phe Trp Glu Ser Val Phe Thr Gly Leu Thr His Ile Asp 530 535 540	1632
gcc cac ttc ctg tcc caa acc aag cag gca gga gac aac ttc ccc tac Ala His Phe Leu Ser Gln Thr Lys Gln Ala Gly Asp Asn Phe Pro Tyr 545 550 555 560	1680
ctg gtg gca tac caa gcc acg gtg tgc gcc agg gct cag gct cca cct Leu Val Ala Tyr Gln Ala Thr Val Cys Ala Arg Ala Gln Ala Pro Pro 565 570 575	1728
cca tcg tgg gat caa atg tgg aag tgt ctc ata cgg ctt aaa cct acg Pro Ser Trp Asp Gln Met Trp Lys Cys Leu Ile Arg Leu Lys Pro Thr 580 585 590	1776
ctg cac ggg cca aca ccc ctg ctg tat agg cta gga gcc gtt caa aat Leu His Gly Pro Thr Pro Leu Leu Tyr Arg Leu Gly Ala Val Gln Asn 595 600 605	1824

gag atc acc ctc aca cat ccc ata acc aaa ttc gtc atg gca tgc atg Glu Ile Thr Leu Thr His Pro Ile Thr Lys Phe Val Met Ala Cys Met 610 615 620	1872
tcg gcc gac ctg gag gtc gtc act agc acc tgg gtg ctg gta ggc gga Ser Ala Asp Leu Glu Val Val Thr Ser Thr Trp Val Leu Val Gly Gly 625 630 635 640	1920
gtc ctt gca gct ctg gcc gca tat tgc ctg aca acc ggt agt gtg gtc Val Leu Ala Ala Leu Ala Tyr Cys Leu Thr Thr Gly Ser Val Val 645 650 655	1968
att gtg ggt agg atc att ttg tcc ggg agg ccg gct gtt gtt ccc gac Ile Val Gly Arg Ile Ile Leu Ser Gly Arg Pro Ala Val Val Pro Asp 660 665 670	2016
agg gaa gtc ctc tac cgg gag ttc gat gaa atg gaa gag tgc gcc tca Arg Glu Val Leu Tyr Arg Glu Phe Asp Glu Met Glu Glu Cys Ala Ser 675 680 685	2064
cac ctc cct tac atc gag caa gga atg cag ctc gcc gag cag ttc aag His Leu Pro Tyr Ile Glu Gln Gly Met Gln Leu Ala Glu Gln Phe Lys 690 695 700	2112
cag cag gca ctc ggg ttg ctg caa aca gcc acc aag caa gcg gag gcc Gln Gln Ala Leu Gly Leu Leu Gln Thr Ala Thr Lys Gln Ala Glu Ala 705 710 715 720	2160
gct gct ccc gtg gtg gag tcc agg tgg cgg gcc ctt gag gcc ttc tgg Ala Ala Pro Val Val Glu Ser Arg Trp Arg Ala Leu Glu Ala Phe Trp 725 730 735	2208
gca aag cac atg tgg aac ttc atc agc ggg ata cag tac tta gca ggc Ala Lys His Met Trp Asn Phe Ile Ser Gly Ile Gln Tyr Leu Ala Gly 740 745 750	2256
tta tcc act ctg cct ggg aac ccc gcg ata gca tca ctg atg gca ttc Leu Ser Thr Leu Pro Gly Asn Pro Ala Ile Ala Ser Leu Met Ala Phe 755 760 765	2304
aca gcc tct atc acc agt ccg ctc acc acc cag aat acc ctc cta ttc Thr Ala Ser Ile Thr Ser Pro Leu Thr Thr Gln Asn Thr Leu Leu Phe 770 775 780	2352
aac atc tta ggg gga tgg gtg gct gct caa ctc gct cct ccc agt gct Asn Ile Leu Gly Gly Trp Val Ala Ala Gln Leu Ala Pro Pro Ser Ala 785 790 795 800	2400
gct tcg gcc ttc gtg ggt gcc ggc att gcc ggt gcg gcc att ggc agc Ala Ser Ala Phe Val Gly Ala Gly Ile Ala Gly Ala Ala Ile Gly Ser 805 810 815	2448
ata ggc ctt ggg aag gtg ctt gtg gac att ctg gcg ggc tat gga gcg Ile Gly Leu Gly Lys Val Leu Val Asp Ile Leu Ala Gly Tyr Gly Ala 820 825 830	2496
ggg gtg gcc ggt gca ctc gtg gct ttt aag gtc atg agc ggc gag gcg Gly Val Ala Gly Ala Leu Val Ala Phe Lys Val Met Ser Gly Glu Ala 835 840 845	2544

ccc tcc gcc gag gac ctg gtt aac ttg ctc cct gcc atc ctc tcc ccc 2592  
 Pro Ser Ala Glu Asp Leu Val Asn Leu Leu Pro Ala Ile Leu Ser Pro  
 850 855 860

ggc gcc ttg gtc gtc ggg atc gtg tgt gca gca atc ctg cgt cgg cac 2640  
 Gly Ala Leu Val Val Gly Ile Val Cys Ala Ala Ile Leu Arg Arg His  
 865 870 875 880

gtg ggc ccg gga gag ggg gct gtg cag tgg atg aac cgg ctg ata gcg 2688  
 Val Gly Pro Gly Glu Gly Ala Val Gln Trp Met Asn Arg Leu Ile Ala  
 885 890 895

ttc gct tcg cgg ggt aac cac gtt tcc ccc acg cac tac gtg cct gag 2736  
 Phe Ala Ser Arg Gly Asn His Val Ser Pro Thr His Tyr Val Pro Glu  
 900 905 910

agc gac gcc gca gca cgt gta act cag atc ctc tcc agc ctc acc atc 2784  
 Ser Asp Ala Ala Ala Arg Val Thr Gln Ile Leu Ser Ser Leu Thr Ile  
 915 920 925

act cag ctg ctg aag agg ctt cac cag tgg att aat gag gac tgc tcc 2832  
 Thr Gln Leu Leu Lys Arg Leu His Gln Trp Ile Asn Glu Asp Cys Ser  
 930 935 940

acg cca tgc taa 2844  
 Thr Pro Cys  
 945

<210> 2  
 <211> 947  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> séquence codant pour NS3NS4

<400> 2

Met Ala Pro Ile Thr Ala Tyr Ser Gln Gln Thr Arg Gly Leu Leu Gly  
 1 5 10 15

Cys Ile Ile Thr Ser Leu Thr Gly Arg Asp Lys Asn Gln Val Asp Gly  
 20 25 30

Glu Val Gln Val Leu Ser Thr Ala Thr Gln Ser Phe Leu Ala Thr Cys  
 35 40 45

Val Asn Gly Val Cys Trp Thr Val Tyr His Gly Ala Gly Ser Lys Thr  
 50 55 60

Leu Ala Gly Pro Lys Gly Pro Ile Thr Gln Met Tyr Thr Asn Val Asp  
 65 70 75 80

Gln Asp Leu Val Gly Trp Pro Ala Pro Pro Gly Ala Arg Ser Met Thr  
 85 90 95

Pro Cys Thr Cys Gly Ser Ser Asp Leu Tyr Leu Val Thr Arg His Ala  
 100 105 110

Asp Val Ile Pro Val Arg Arg Arg Gly Asp Ser Arg Gly Ser Leu Leu  
 115 120 125  
 Ser Pro Arg Pro Val Ser Tyr Leu Lys Gly Ser Ser Gly Gly Pro Leu  
 130 135 140  
 Leu Cys Pro Ser Gly His Val Val Gly Ile Phe Arg Ala Ala Val Cys  
 145 150 155 160  
 Thr Arg Gly Val Ala Lys Ala Val Asp Phe Ile Pro Val Glu Ser Met  
 165 170 175  
 Glu Thr Thr Met Arg Ser Pro Val Phe Thr Asp Asn Ser Ser Pro Pro  
 180 185 190  
 Ala Val Pro Gln Thr Phe Gln Val Ala His Leu His Ala Pro Thr Gly  
 195 200 205  
 Ser Gly Lys Ser Thr Lys Val Pro Ala Ala Tyr Ala Ala Gln Gly Tyr  
 210 215 220  
 Lys Val Leu Val Leu Asn Pro Ser Val Ala Ala Thr Leu Gly Phe Gly  
 225 230 235 240  
 Ala Tyr Met Ser Lys Ala His Gly Ile Glu Pro Asn Ile Arg Thr Gly  
 245 250 255  
 Val Arg Thr Ile Thr Thr Gly Gly Pro Ile Thr Tyr Ser Thr Tyr Gly  
 260 265 270  
 Lys Phe Leu Ala Asp Gly Gly Cys Ser Gly Gly Ala Tyr Asp Ile Ile  
 275 280 285  
 Ile Cys Asp Glu Cys His Ser Thr Asp Trp Thr Thr Ile Leu Gly Ile  
 290 295 300  
 Gly Thr Val Leu Asp Gln Ala Glu Thr Ala Gly Ala Arg Leu Val Val  
 305 310 315 320  
 Leu Ala Thr Ala Thr Pro Pro Gly Ser Ile Thr Val Pro His Pro Asn  
 325 330 335  
 Ile Glu Glu Val Ala Leu Ser Asn Thr Gly Glu Ile Pro Phe Tyr Gly  
 340 345 350  
 Lys Ala Ile Pro Ile Glu Ala Ile Lys Gly Gly Arg His Leu Ile Phe  
 355 360 365  
 Cys His Ser Lys Lys Lys Cys Asp Glu Leu Ala Ala Lys Leu Thr Gly  
 370 375 380  
 Leu Gly Leu Asn Ala Val Ala Tyr Tyr Arg Gly Leu Asp Val Ser Val  
 385 390 395 400  
 Ile Pro Thr Ser Gly Asp Val Val Val Val Ala Thr Asp Ala Leu Met  
 405 410 415  
 Thr Gly Phe Thr Gly Asp Phe Asp Ser Val Ile Asp Cys Asn Thr Cys  
 420 425 430



Val Thr Gln Thr Val Asp Phe Ser Leu Asp Pro Thr Phe Thr Ile Glu  
 435 440 445  
 Thr Thr Thr Val Pro Gln Asp Ala Val Ser Arg Ser Gln Arg Arg Gly  
 450 455 460  
 Arg Thr Gly Arg Gly Arg Ser Gly Ile Tyr Arg Phe Val Thr Pro Gly  
 465 470 475 480  
 Glu Arg Pro Ser Gly Met Phe Asp Ser Ser Val Leu Cys Glu Cys Tyr  
 485 490 495  
 Asp Ala Gly Cys Ala Trp Tyr Glu Leu Thr Pro Ala Glu Thr Thr Val  
 500 505 510  
 Arg Leu Arg Ala Tyr Leu Asn Thr Pro Gly Leu Pro Val Cys Gln Asp  
 515 520 525  
 His Leu Glu Phe Trp Glu Ser Val Phe Thr Gly Leu Thr His Ile Asp  
 530 535 540  
 Ala His Phe Leu Ser Gln Thr Lys Gln Ala Gly Asp Asn Phe Pro Tyr  
 545 550 555 560  
 Leu Val Ala Tyr Gln Ala Thr Val Cys Ala Arg Ala Gln Ala Pro Pro  
 565 570 575  
 Pro Ser Trp Asp Gln Met Trp Lys Cys Leu Ile Arg Leu Lys Pro Thr  
 580 585 590  
 Leu His Gly Pro Thr Pro Leu Leu Tyr Arg Leu Gly Ala Val Gln Asn  
 595 600 605  
 Glu Ile Thr Leu Thr His Pro Ile Thr Lys Phe Val Met Ala Cys Met  
 610 615 620  
 Ser Ala Asp Leu Glu Val Val Thr Ser Thr Trp Val Leu Val Gly Gly  
 625 630 635 640  
 Val Leu Ala Ala Leu Ala Ala Tyr Cys Leu Thr Thr Gly Ser Val Val  
 645 650 655  
 Ile Val Gly Arg Ile Ile Leu Ser Gly Arg Pro Ala Val Val Pro Asp  
 660 665 670  
 Arg Glu Val Leu Tyr Arg Glu Phe Asp Glu Met Glu Glu Cys Ala Ser  
 675 680 685  
 His Leu Pro Tyr Ile Glu Gln Gly Met Gln Leu Ala Glu Gln Phe Lys  
 690 695 700  
 Gln Gln Ala Leu Gly Leu Leu Gln Thr Ala Thr Lys Gln Ala Glu Ala  
 705 710 715 720  
 Ala Ala Pro Val Val Glu Ser Arg Trp Arg Ala Leu Glu Ala Phe Trp  
 725 730 735  
 Ala Lys His Met Trp Asn Phe Ile Ser Gly Ile Gln Tyr Leu Ala Gly  
 740 745 750

Leu Ser Thr Leu Pro Gly Asn Pro Ala Ile Ala Ser Leu Met Ala Phe  
 755 760 765  
 Thr Ala Ser Ile Thr Ser Pro Leu Thr Thr Gln Asn Thr Leu Leu Phe  
 770 775 780  
 Asn Ile Leu Gly Gly Trp Val Ala Ala Gln Leu Ala Pro Pro Ser Ala  
 785 790 795 800  
 Ala Ser Ala Phe Val Gly Ala Gly Ile Ala Gly Ala Ala Ile Gly Ser  
 805 810 815  
 Ile Gly Leu Gly Lys Val Leu Val Asp Ile Leu Ala Gly Tyr Gly Ala  
 820 825 830  
 Gly Val Ala Gly Ala Leu Val Ala Phe Lys Val Met Ser Gly Glu Ala  
 835 840 845  
 Pro Ser Ala Glu Asp Leu Val Asn Leu Leu Pro Ala Ile Leu Ser Pro  
 850 855 860  
 Gly Ala Leu Val Val Gly Ile Val Cys Ala Ala Ile Leu Arg Arg His  
 865 870 875 880  
 Val Gly Pro Gly Glu Gly Ala Val Gln Trp Met Asn Arg Leu Ile Ala  
 885 890 895  
 Phe Ala Ser Arg Gly Asn His Val Ser Pro Thr His Tyr Val Pro Glu  
 900 905 910  
 Ser Asp Ala Ala Ala Arg Val Thr Gln Ile Leu Ser Ser Leu Thr Ile  
 915 920 925  
 Thr Gln Leu Leu Lys Arg Leu His Gln Trp Ile Asn Glu Asp Cys Ser  
 930 935 940  
 Thr Pro Cys  
 945

<210> 3  
 <211> 1779  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220>  
 <223> séquence codant pour NS5b  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1779)  
 <223>

<400> 3  
 atg tca atg tcc tac aca tgg aca ggt gcc ttg atc acg cca tgc gct  
 Met Ser Met Ser Tyr Thr Trp Thr Gly Ala Leu Ile Thr Pro Cys Ala  
 1 5 10 15  
 gcg gag gag agc aag ttg ccc atc aat ccg ttg agc aac tct ttg ctg  
 Ala Glu Glu Ser Lys Leu Pro Ile Asn Pro Leu Ser Asn Ser Leu Leu  
 20 25 30

48

96

cgt cac cac agt atg gtc tac tcc aca aca tct cgc agc gca agt ctg	144
Arg His His Ser Met Val Tyr Ser Thr Thr Ser Arg Ser Ala Ser Leu	
35 40 45	
cgg cag aag aag gtc acc ttt gac aga ctg caa gtc ctg gac gac cac	192
Arg Gln Lys Lys Val Thr Phe Asp Arg Leu Gln Val Leu Asp Asp His	
50 55 60	
tac cgg gac gtg ctc aag gag atg aag gcg aag gcg tcc aca gtt aag	240
Tyr Arg Asp Val Leu Lys Glu Met Lys Ala Lys Ala Ser Thr Val Lys	
65 70 75 80	
gct agg ctt cta tct ata gag gag gcc tgc aaa ctg acg ccc cca cat	288
Ala Arg Leu Leu Ser Ile Glu Glu Ala Cys Lys Leu Thr Pro Pro His	
85 90 95	
tcg gcc aaa tcc aaa ttt ggc tac ggg gcg aag gac gtc cgg agc cta	336
Ser Ala Lys Ser Lys Phe Gly Tyr Gly Ala Lys Asp Val Arg Ser Leu	
100 105 110	
tcc agc agg gcc gtc aac cac atc cgc tcc gtg tgg gag gac ttg ctg	384
Ser Ser Arg Ala Val Asn His Ile Arg Ser Val Trp Glu Asp Leu Leu	
115 120 125	
gaa gac act gaa aca cca att gat acc acc atc atg gca aaa aat gag	432
Glu Asp Thr Glu Thr Pro Ile Asp Thr Thr Ile Met Ala Lys Asn Glu	
130 135 140	
gtt ttc tgc gtc caa cca gag aaa gga ggc cgc aag cca gct cgc ctt	480
Val Phe Cys Val Gln Pro Glu Lys Gly Gly Arg Lys Pro Ala Arg Leu	
145 150 155 160	
atc gta ttc cca gac ctg ggg gta cgt gta tgc gag aag atg gcc ctt	528
Ile Val Phe Pro Asp Leu Gly Val Arg Val Cys Glu Lys Met Ala Leu	
165 170 175	
tac gac gtg gtc tcc acc ctt cct cag gcc gtg atg ggc ccc tca tac	576
Tyr Asp Val Val Ser Thr Leu Pro Gln Ala Val Met Gly Pro Ser Tyr	
180 185 190	
gga ttc cag tac tct cct ggg cag cgg gtc gag ttc ctg gtg aat acc	624
Gly Phe Gln Tyr Ser Pro Gly Gln Arg Val Glu Phe Leu Val Asn Thr	
195 200 205	
tgg aaa tca aag aaa tgc cct atg ggc ttc tca tat gac acc cgc tgc	672
Trp Lys Ser Lys Lys Cys Pro Met Gly Phe Ser Tyr Asp Thr Arg Cys	
210 215 220	
ttt gac tca acg gtc act gag aat gac atc cgt act gag gag tca atc	720
Phe Asp Ser Thr Val Thr Glu Asn Asp Ile Arg Thr Glu Glu Ser Ile	
225 230 235 240	
tac caa tgt tgt gac ttg gcc ccc gaa gcc aga cag gcc ata aag tcg	768
Tyr Gln Cys Cys Asp Leu Ala Pro Glu Ala Arg Gln Ala Ile Lys Ser	
245 250 255	
ctc aca gag cgg ctc tac atc ggg ggt ccc ctg act aat tca aaa ggg	816
Leu Thr Glu Arg Leu Tyr Ile Gly Gly Pro Leu Thr Asn Ser Lys Gly	
260 265 270	

cag aac tgc ggt tat cgc cgg tgc cgc gcg agc ggc gtg ctg acg act	864
Gln Asn Cys Gly Tyr Arg Arg Cys Arg Ala Ser Gly Val Leu Thr Thr	
275 280 285	
agc tgc ggc aat acc ctc aca tgc tac ttg aaa gcc act gcg gcc tgt	912
Ser Cys Gly Asn Thr Leu Thr Cys Tyr Leu Lys Ala Thr Ala Ala Cys	
290 295 300	
cga gct gca aag ctc cag gac tgc acg atg ctc gtg aac gga gac gac	960
Arg Ala Ala Lys Leu Gln Asp Cys Thr Met Leu Val Asn Gly Asp Asp	
305 310 315 320	
ctt gtc gtt atc tgc gaa agc gcg gga acc cag gag gat gcg gcg agc	1008
Leu Val Val Ile Cys Glu Ser Ala Gly Thr Gln Glu Asp Ala Ala Ser	
325 330 335	
cta cga gtc ttc acg gag gct atg act agg tac tct gcc ccc ccc ggg	1056
Leu Arg Val Phe Thr Glu Ala Met Thr Arg Tyr Ser Ala Pro Pro Gly	
340 345 350	
gac ccg ccc caa cca gaa tac gac ttg gag ctg ata acg tca tgc tcc	1104
Asp Pro Pro Gln Pro Glu Tyr Asp Leu Glu Leu Ile Thr Ser Cys Ser	
355 360 365	
tcc aat gtg tgc gtc gcg cac gat gca tcc ggc aaa agg gtg tac tac	1152
Ser Asn Val Ser Val Ala His Asp Ala Ser Gly Lys Arg Val Tyr Tyr	
370 375 380	
ctc acc cgt gac ccc acc acc ccc ctc gca cgg gct gcg tgg gag aca	1200
Leu Thr Arg Asp Pro Thr Thr Pro Leu Ala Arg Ala Ala Trp Glu Thr	
385 390 395 400	
gtt aga cac act cca gtc aac tcc tgg cta ggc aat atc atc atg tat	1248
Val Arg His Thr Pro Val Asn Ser Trp Leu Gly Asn Ile Ile Met Tyr	
405 410 415	
gcg ccc acc cta tgg gcg agg atg att ctg atg act cat ttc ttc tct	1296
Ala Pro Thr Leu Trp Ala Arg Met Ile Leu Met Thr His Phe Phe Ser	
420 425 430	
atc ctt cta gct cag gag caa ctt gaa aaa gcc ctg gat tgt cag atc	1344
Ile Leu Leu Ala Gln Glu Gln Leu Glu Lys Ala Leu Asp Cys Gln Ile	
435 440 445	
tac ggg gcc tgc tac tcc att gag cca ctt gac cta cct cag atc atc	1392
Tyr Gly Ala Cys Tyr Ser Ile Glu Pro Leu Asp Leu Pro Gln Ile Ile	
450 455 460	
gaa cga ctc cat ggt ctt agc gca ttt tca ctc cat agt tac tct cca	1440
Glu Arg Leu His Gly Leu Ser Ala Phe Ser Leu His Ser Tyr Ser Pro	
465 470 475 480	
ggg gag atc aat agg gtg gct tca tgc ctc agg aaa ctt ggg gta cca	1488
Gly Glu Ile Asn Arg Val Ala Ser Cys Leu Arg Lys Leu Gly Val Pro	
485 490 495	
ccc ttg cga gtc tgg aga cat cgg gcc aga agt gtc cgc gct aag ttg	1536
Pro Leu Arg Val Trp Arg His Arg Ala Arg Ser Val Arg Ala Lys Leu	
500 505 510	

ctg tcc cag ggg ggg agg gcc gcc act tgc ggc aaa tac ctc ttc aac 1584  
 Leu Ser Gln Gly Gly Arg Ala Ala Thr Cys Gly Lys Tyr Leu Phe Asn  
 515 520 525  
 tgg gca gta agg acc aag ctt aaa ctc act cca atc ccg gct gcg tcc 1632  
 Trp Ala Val Arg Thr Lys Leu Lys Leu Thr Pro Ile Pro Ala Ala Ser  
 530 535 540  
 cag cta gac ttg tcc ggc tgg ttc gtt gct ggt tac aac ggg gga gac 1680  
 Gln Leu Asp Leu Ser Gly Trp Phe Val Ala Gly Tyr Asn Gly Gly Asp  
 545 550 555 560  
 ata tat cac agc ctg tct cgt gcc cga ccc cgt tgg ttc atg ttg tgc 1728  
 Ile Tyr His Ser Leu Ser Arg Ala Arg Pro Arg Trp Phe Met Leu Cys  
 565 570 575  
 cta ctc cta ctt tct gta ggg gta ggc atc tac ctg ctc ccc aac cgg 1776  
 Leu Leu Leu Leu Ser Val Gly Val Gly Ile Tyr Leu Leu Pro Asn Arg  
 580 585 590  
 taa 1779

<210> 4  
 <211> 592  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence  
 <220>  
 <223> séquence codant pour NS5b  
 <400> 4

Met Ser Met Ser Tyr Thr Trp Thr Gly Ala Leu Ile Thr Pro Cys Ala  
 1 5 10 15  
 Ala Glu Glu Ser Lys Leu Pro Ile Asn Pro Leu Ser Asn Ser Leu Leu  
 20 25 30  
 Arg His His Ser Met Val Tyr Ser Thr Thr Ser Arg Ser Ala Ser Leu  
 35 40 45  
 Arg Gln Lys Lys Val Thr Phe Asp Arg Leu Gln Val Leu Asp Asp His  
 50 55 60  
 Tyr Arg Asp Val Leu Lys Glu Met Lys Ala Lys Ala Ser Thr Val Lys  
 65 70 75 80  
 Ala Arg Leu Leu Ser Ile Glu Glu Ala Cys Lys Leu Thr Pro Pro His  
 85 90 95  
 Ser Ala Lys Ser Lys Phe Gly Tyr Gly Ala Lys Asp Val Arg Ser Leu  
 100 105 110  
 Ser Ser Arg Ala Val Asn His Ile Arg Ser Val Trp Glu Asp Leu Leu  
 115 120 125  
 Glu Asp Thr Glu Thr Pro Ile Asp Thr Thr Ile Met Ala Lys Asn Glu  
 130 135 140

Val	Phe	Cys	Val	Gln	Pro	Glu	Lys	Gly	Gly	Arg	Lys	Pro	Ala	Arg	Leu	145	150	155	160
Ile	Val	Phe	Pro	Asp	Leu	Gly	Val	Arg	Val	Cys	Glu	Lys	Met	Ala	Leu	165	170	175	
Tyr	Asp	Val	Val	Ser	Thr	Leu	Pro	Gln	Ala	Val	Met	Gly	Pro	Ser	Tyr	180	185	190	
Gly	Phe	Gln	Tyr	Ser	Pro	Gly	Gln	Arg	Val	Glu	Phe	Leu	Val	Asn	Thr	195	200	205	
Trp	Lys	Ser	Lys	Lys	Cys	Pro	Met	Gly	Phe	Ser	Tyr	Asp	Thr	Arg	Cys	210	215	220	
Phe	Asp	Ser	Thr	Val	Thr	Glu	Asn	Asp	Ile	Arg	Thr	Glu	Glu	Ser	Ile	225	230	235	240
Tyr	Gln	Cys	Cys	Asp	Leu	Ala	Pro	Glu	Ala	Arg	Gln	Ala	Ile	Lys	Ser	245	250	255	
Leu	Thr	Glu	Arg	Leu	Tyr	Ile	Gly	Gly	Pro	Leu	Thr	Asn	Ser	Lys	Gly	260	265	270	
Gln	Asn	Cys	Gly	Tyr	Arg	Arg	Cys	Arg	Ala	Ser	Gly	Val	Leu	Thr	Thr	275	280	285	
Ser	Cys	Gly	Asn	Thr	Leu	Thr	Cys	Tyr	Leu	Lys	Ala	Thr	Ala	Ala	Cys	290	295	300	
Arg	Ala	Ala	Lys	Leu	Gln	Asp	Cys	Thr	Met	Leu	Val	Asn	Gly	Asp	Asp	305	310	315	320
Leu	Val	Val	Ile	Cys	Glu	Ser	Ala	Gly	Thr	Gln	Glu	Asp	Ala	Ala	Ser	325	330	335	
Leu	Arg	Val	Phe	Thr	Glu	Ala	Met	Thr	Arg	Tyr	Ser	Ala	Pro	Pro	Gly	340	345	350	
Asp	Pro	Pro	Gln	Pro	Glu	Tyr	Asp	Leu	Glu	Leu	Ile	Thr	Ser	Cys	Ser	355	360	365	
Ser	Asn	Val	Ser	Val	Ala	His	Asp	Ala	Ser	Gly	Lys	Arg	Val	Tyr	Tyr	370	375	380	
Leu	Thr	Arg	Asp	Pro	Thr	Thr	Pro	Leu	Ala	Arg	Ala	Ala	Trp	Glu	Thr	385	390	395	400
Val	Arg	His	Thr	Pro	Val	Asn	Ser	Trp	Leu	Gly	Asn	Ile	Ile	Met	Tyr	405	410	415	
Ala	Pro	Thr	Leu	Trp	Ala	Arg	Met	Ile	Leu	Met	Thr	His	Phe	Phe	Ser	420	425	430	
Ile	Leu	Leu	Ala	Gln	Glu	Gln	Leu	Glu	Lys	Ala	Leu	Asp	Cys	Gln	Ile	435	440	445	
Tyr	Gly	Ala	Cys	Tyr	Ser	Ile	Glu	Pro	Leu	Asp	Leu	Pro	Gln	Ile	Ile	450	455	460	

Glu Arg Leu His Gly Leu Ser Ala Phe Ser Leu His Ser Tyr Ser Pro  
 465 470 475 480

Gly Glu Ile Asn Arg Val Ala Ser Cys Leu Arg Lys Leu Gly Val Pro  
 485 490 495

Pro Leu Arg Val Trp Arg His Arg Ala Arg Ser Val Arg Ala Lys Leu  
 500 505 510

Leu Ser Gln Gly Gly Arg Ala Ala Thr Cys Gly Lys Tyr Leu Phe Asn  
 515 520 525

Trp Ala Val Arg Thr Lys Leu Lys Leu Thr Pro Ile Pro Ala Ala Ser  
 530 535 540

Gln Leu Asp Leu Ser Gly Trp Phe Val Ala Gly Tyr Asn Gly Gly Asp  
 545 550 555 560

Ile Tyr His Ser Leu Ser Arg Ala Arg Pro Arg Trp Phe Met Leu Cys  
 565 570 575

Leu Leu Leu Leu Ser Val Gly Val Gly Ile Tyr Leu Leu Pro Asn Arg  
 580 585 590

<210> 5  
 <211> 1344  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> séquence codant pour NS5a

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1344)  
 <223>

<400> 5  
 atg tcc ggc tgc tgg cta agg gat gtt tgg gac tgg ata tgc acg gtg 48  
 Met Ser Gly Ser Trp Leu Arg Asp Val Trp Asp Trp Ile Cys Thr Val  
 1 5 10 15  
 ttg act gac ttc aag acc tgg ctc cag tcc aag ctc ctg ccg aaa ttg 96  
 Leu Thr Asp Phe Lys Thr Trp Leu Gln Ser Lys Leu Leu Pro Lys Leu  
 20 25 30  
 ccg gga gtc cct ttc ttc tca tgc caa cgc ggg tac aag gga gtc tgg 144  
 Pro Gly Val Pro Phe Phe Ser Cys Gln Arg Gly Tyr Lys Gly Val Trp  
 35 40 45  
 cgg ggg gac ggc atc atg caa acc acc tgc cca tgt gga gca caa att 192  
 Arg Gly Asp Gly Ile Met Gln Thr Thr Cys Pro Cys Gly Ala Gln Ile  
 50 55 60  
 acc gga cat gtc aaa aac ggt tcc atg agg atc gtt ggg cct aaa acc 240  
 Thr Gly His Val Lys Asn Gly Ser Met Arg Ile Val Gly Pro Lys Thr  
 65 70 75 80

tgc agc aac acg tgg cac gga acg ttc ccc atc aac gcg tac acc aca	288
Cys Ser Asn Thr Trp His Gly Thr Phe Pro Ile Asn Ala Tyr Thr Thr	
85 90 95	
ggc ccc tgc aca ccc tcc ccg gcg ccg aac tat tcc agg gcg ctg tgg	336
Gly Pro Cys Thr Pro Ser Pro Ala Pro Asn Tyr Ser Arg Ala Leu Trp	
100 105 110	
cgg gtg gct gct gaa gag tac gtg gag att acg cgg gtg ggg gac ttc	384
Arg Val Ala Ala Glu Glu Tyr Val Glu Ile Thr Arg Val Gly Asp Phe	
115 120 125	
cac tac gtg acg ggt atg acc acc gac aac gta aaa tgc ccg tgc cag	432
His Tyr Val Thr Gly Met Thr Thr Asp Asn Val Lys Cys Pro Cys Gln	
130 135 140	
gtc ccg gcc ccc gaa ttc ttc act gaa ttg gac ggg gtg ccg ttg cac	480
Val Pro Ala Pro Glu Phe Thr Glu Leu Asp Gly Val Arg Leu His	
145 150 155 160	
agg tac gct ccg gcg tgc aga cct ctc cta cgg gtg gat gtc aca ttc	528
Arg Tyr Ala Pro Ala Cys Arg Pro Leu Leu Arg Val Asp Val Thr Phe	
165 170 175	
cag gtc ggg ctc aac caa tac ctg gtt ggg tca cag ctc cca tgc gag	576
Gln Val Gly Leu Asn Gln Tyr Leu Val Gly Ser Gln Leu Pro Cys Glu	
180 185 190	
cct gag ccg gat gtg gca gtg ctc act tcc atg ctc acc gac ccc tcc	624
Pro Glu Pro Asp Val Ala Val Leu Thr Ser Met Leu Thr Asp Pro Ser	
195 200 205	
cac att aca gca gag acg gct aaa cgt agg ccg gcc agg ggg tct ccc	672
His Ile Thr Ala Glu Thr Ala Lys Arg Arg Pro Ala Arg Gly Ser Pro	
210 215 220	
ccc tcc ttg gcc agc tct tca gct agc caa ttg tct gcg cct tcc ttg	720
Pro Ser Leu Ala Ser Ser Ser Ala Ser Gln Leu Ser Ala Pro Ser Leu	
225 230 235 240	
aag gca aca tgc act acc cac cat gac tcc ccg gac gct gac ctc atc	768
Lys Ala Thr Cys Thr Thr His His Asp Ser Pro Asp Ala Asp Leu Ile	
245 250 255	
gag gcc aac ctc ctg tgg cgg cag gag atg ggc gga aac atc acc cgt	816
Glu Ala Asn Leu Leu Trp Arg Gln Glu Met Gly Gly Asn Ile Thr Arg	
260 265 270	
gtg gag tca gag aat aag gtg gta att ttg gac tct ttc gac ccg ctt	864
Val Glu Ser Glu Asn Lys Val Val Ile Leu Asp Ser Phe Asp Pro Leu	
275 280 285	
cga gcg gaa gag gat gag agg gaa gta tcc gtt gca gca gag atc ctg	912
Arg Ala Glu Glu Asp Glu Arg Glu Val Ser Val Ala Ala Glu Ile Leu	
290 295 300	
cga aaa tcc aag aag ttc ccc ccc gcg ttg ccc ata tgg gca cgc ccg	960
Arg Lys Ser Lys Lys Phe Pro Pro Ala Leu Pro Ile Trp Ala Arg Pro	
305 310 315 320	



gat tac aac cct cca ctg tta gag tcc tgg aaa agt ccg gac tac gtc 1008  
 Asp Tyr Asn Pro Pro Leu Leu Glu Ser Trp Lys Ser Pro Asp Tyr Val  
 325 330 335

cct ccg gcg gtg cat ggg tgc cca ttg ccg cct acc acg ggc cct cca 1056  
 Pro Pro Ala Val His Gly Cys Pro Leu Pro Pro Thr Thr Gly Pro Pro  
 340 345 350

ata ccg cct cca cgg aaa aag agg acg gtt gtt ctg aca gag tcc acc 1104  
 Ile Pro Pro Pro Arg Lys Lys Arg Thr Val Val Leu Thr Glu Ser Thr  
 355 360 365

gtg tct tct gcc ttg gcg gag ctg gct act aag act ttc ggc agc tcc 1152  
 Val Ser Ser Ala Leu Ala Glu Leu Ala Thr Lys Thr Phe Gly Ser Ser  
 370 375 380

gga tcg tcg gcc gtt gac agc ggc acg gcg acc gcc cct ccc gat cag 1200  
 Gly Ser Ser Ala Val Asp Ser Gly Thr Ala Thr Ala Pro Pro Asp Gln  
 385 390 395 400

acc tct gac gac ggt gac aaa gaa tct gac att gag tcg tac tcc tcc 1248  
 Thr Ser Asp Asp Gly Asp Lys Glu Ser Asp Ile Glu Ser Tyr Ser Ser  
 405 410 415

atg ccc ccc ctt gag ggg gag ccg ggg gac cct gat ctc agc gac ggg 1296  
 Met Pro Pro Leu Glu Gly Glu Pro Gly Asp Pro Asp Leu Ser Asp Gly  
 420 425 430

tct tgg tct acc gtg agc ggg gag gcc ggc gac gac atc gtc tgc tgc 1344  
 Ser Trp Ser Thr Val Ser Gly Glu Ala Gly Asp Asp Ile Val Cys Cys  
 435 440 445

<210> 6  
 <211> 448  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> séquence codant pour NS5a

<400> 6

Met Ser Gly Ser Trp Leu Arg Asp Val Trp Asp Trp Ile Cys Thr Val  
 1 5 10 15

Leu Thr Asp Phe Lys Thr Trp Leu Gln Ser Lys Leu Leu Pro Lys Leu  
 20 25 30

Pro Gly Val Pro Phe Phe Ser Cys Gln Arg Gly Tyr Lys Gly Val Trp  
 35 40 45

Arg Gly Asp Gly Ile Met Gln Thr Thr Cys Pro Cys Gly Ala Gln Ile  
 50 55 60

Thr Gly His Val Lys Asn Gly Ser Met Arg Ile Val Gly Pro Lys Thr  
 65 70 75 80

Cys Ser Asn Thr Trp His Gly Thr Phe Pro Ile Asn Ala Tyr Thr Thr  
 85 90 95

Gly Pro Cys Thr Pro Ser Pro Ala Pro Asn Tyr Ser Arg Ala Leu Trp  
 100 105 110  
 Arg Val Ala Ala Glu Glu Tyr Val Glu Ile Thr Arg Val Gly Asp Phe  
 115 120 125  
 His Tyr Val Thr Gly Met Thr Thr Asp Asn Val Lys Cys Pro Cys Gln  
 130 135 140  
 Val Pro Ala Pro Glu Phe Phe Thr Glu Leu Asp Gly Val Arg Leu His  
 145 150 155 160  
 Arg Tyr Ala Pro Ala Cys Arg Pro Leu Leu Arg Val Asp Val Thr Phe  
 165 170 175  
 Gln Val Gly Leu Asn Gln Tyr Leu Val Gly Ser Gln Leu Pro Cys Glu  
 180 185 190  
 Pro Glu Pro Asp Val Ala Val Leu Thr Ser Met Leu Thr Asp Pro Ser  
 195 200 205  
 His Ile Thr Ala Glu Thr Ala Lys Arg Arg Pro Ala Arg Gly Ser Pro  
 210 215 220  
 Pro Ser Leu Ala Ser Ser Ser Ala Ser Gln Leu Ser Ala Pro Ser Leu  
 225 230 235 240  
 Lys Ala Thr Cys Thr Thr His His Asp Ser Pro Asp Ala Asp Leu Ile  
 245 250 255  
 Glu Ala Asn Leu Leu Trp Arg Gln Glu Met Gly Gly Asn Ile Thr Arg  
 260 265 270  
 Val Glu Ser Glu Asn Lys Val Val Ile Leu Asp Ser Phe Asp Pro Leu  
 275 280 285  
 Arg Ala Glu Glu Asp Glu Arg Glu Val Ser Val Ala Ala Glu Ile Leu  
 290 295 300  
 Arg Lys Ser Lys Lys Phe Pro Pro Ala Leu Pro Ile Trp Ala Arg Pro  
 305 310 315 320  
 Asp Tyr Asn Pro Pro Leu Leu Glu Ser Trp Lys Ser Pro Asp Tyr Val  
 325 330 335  
 Pro Pro Ala Val His Gly Cys Pro Leu Pro Pro Thr Thr Gly Pro Pro  
 340 345 350  
 Ile Pro Pro Pro Arg Lys Lys Arg Thr Val Val Leu Thr Glu Ser Thr  
 355 360 365  
 Val Ser Ser Ala Leu Ala Glu Leu Ala Thr Lys Thr Phe Gly Ser Ser  
 370 375 380  
 Gly Ser Ser Ala Val Asp Ser Gly Thr Ala Thr Ala Pro Pro Asp Gln  
 385 390 395 400  
 Thr Ser Asp Asp Gly Asp Lys Glu Ser Asp Ile Glu Ser Tyr Ser Ser  
 405 410 415

Met Pro Pro Leu Glu Gly Glu Pro Gly Asp Pro Asp Leu Ser Asp Gly  
 420 425 430

Ser Trp Ser Thr Val Ser Gly Glu Ala Gly Asp Asp Ile Val Cys Cys  
 435 440 445

<210> 7  
 <211> 2241  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> séquence codant pour CE1E2

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(2241)  
 <223>

<400> 7

atg agc aca aat cct aaa cct caa aga aaa acc aaa cgt aac acc aac	48
Met Ser Thr Asn Pro Lys Pro Gln Arg Lys Thr Lys Arg Asn Thr Asn	
1 5 10 15	
cgc cgc cca cag gac gtt aag ttc ccg ggc ggt ggt cag atc gtt ggt	96
Arg Arg Pro Gln Asp Val Lys Phe Pro Gly Gly Gly Gln Ile Val Gly	
20 25 30	
gga gtt tac ctg ttg ccg cgc agg ggc ccc agg ttg ggt gtg cgc gcg	144
Gly Val Tyr Leu Leu Pro Arg Arg Gly Pro Arg Leu Gly Val Arg Ala	
35 40 45	
act agg aag act tcc gag cgg tcg caa cct cgt gga agg cga caa cct	192
Thr Arg Lys Thr Ser Glu Arg Ser Gln Pro Arg Gly Arg Arg Gln Pro	
50 55 60	
atc ccc aag gct cgc cgg ccc gag ggt agg acc tgg gct cag ccc ggg	240
Ile Pro Lys Ala Arg Arg Pro Glu Gly Arg Thr Trp Ala Gln Pro Gly	
65 70 75 80	
tac cct tgg ccc ctc tat ggc aac gag ggt atg ggg tgg gca gga tgg	288
Tyr Pro Trp Pro Leu Tyr Gly Asn Glu Gly Met Gly Trp Ala Gly Trp	
85 90 95	
ctc ctg tca ccc cgt ggc tct cgg cct agt tgg ggc ccc aca gac ccc	336
Leu Leu Ser Pro Arg Gly Ser Arg Pro Ser Trp Gly Pro Thr Asp Pro	
100 105 110	
cgg cgt agg tcg cgt aat ttg ggt aag gtc atc gat acc ctt aca tgc	384
Arg Arg Arg Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Ile Asp Thr Leu Thr Cys	
115 120 125	
ggc ttc gcc gac ctc atg ggg tac att ccg ctt gtc ggc gcc ccc cta	432
Gly Phe Ala Asp Leu Met Gly Tyr Ile Pro Leu Val Gly Ala Pro Leu	
130 135 140	
gga ggc gct gcc agg gcc ctg gcg cat ggc gtc cgg gtt ctg gag gac	480
Gly Gly Ala Ala Arg Ala Leu Ala His Gly Val Arg Val Leu Glu Asp	
145 150 155 160	

ggc gtg aac tat gca aca ggg aat ctg ccc ggt tgc tct ttc tct atc Gly Val Asn Tyr Ala Thr Gly Asn Leu Pro Gly Cys Ser Phe Ser Ile 165 170 175	528
ttc ctc tta gct ttg ctg tct tgt ttg acc atc cca gct tcc gct tac Phe Leu Leu Ala Leu Leu Ser Cys Leu Thr Ile Pro Ala Ser Ala Tyr 180 185 190	576
gag gtg cgc aac gtg tcc ggg ata tac cat gtc acg aac gac tgc tcc Glu Val Arg Asn Val Ser Gly Ile Tyr His Val Thr Asn Asp Cys Ser 195 200 205	624
aac tca agt att gtg tat gag gca gcg gac atg atc atg cac acc ccc Asn Ser Ser Ile Val Tyr Glu Ala Ala Asp Met Ile Met His Thr Pro 210 215 220	672
ggg tgc gtg ccc tgc gtc cgg gag agt aat ttc tcc cgt tgc tgg gta Gly Cys Val Pro Cys Val Arg Glu Ser Asn Phe Ser Arg Cys Trp Val 225 230 235 240	720
gcg ctc act ccc acg ctc gcg gcc agg aac agc agc atc ccc acc acg Ala Leu Thr Pro Thr Leu Ala Ala Arg Asn Ser Ser Ile Pro Thr Thr 245 250 255	768
aca ata cga cgc cac gtc gat ttg ctc gtt ggg gcg gct gct ctc tgt Thr Ile Arg Arg His Val Asp Leu Leu Val Gly Ala Ala Ala Leu Cys 260 265 270	816
tcc gct atg tac gtt ggg gat ctc tgc gga tcc gtt ttt ctc gtc tcc Ser Ala Met Tyr Val Gly Asp Leu Cys Gly Ser Val Phe Leu Val Ser 275 280 285	864
cag ctg ttc acc ttc tca cct cgc cgg tat gag acg gta caa gat tgc Gln Leu Phe Thr Phe Ser Pro Arg Arg Tyr Glu Thr Val Gln Asp Cys 290 295 300	912
aat tgc tca atc tat ccc ggc cac gta tca ggt cac cgc atg gct tgg Asn Cys Ser Ile Tyr Pro Gly His Val Ser Gly His Arg Met Ala Trp 305 310 315 320	960
gat atg atg atg aac tgg tca cct aca acg gcc cta gtg gta tgc cag Asp Met Met Met Asn Trp Ser Pro Thr Thr Ala Leu Val Val Ser Gln 325 330 335	1008
cta ctc cgg atc cca caa gcc gtc gtg gac atg gtg gcg ggg gcc cac Leu Leu Arg Ile Pro Gln Ala Val Val Asp Met Val Ala Gly Ala His 340 345 350	1056
tgg ggt gtc cta gcg ggc ctt gcc tac tat tcc atg gtg ggg aac tgg Trp Gly Val Leu Ala Gly Leu Ala Tyr Tyr Ser Met Val Gly Asn Trp 355 360 365	1104
gct aag gtc ttg att gtg atg cta ctc ttt gct ggc gtt gac ggg cac Ala Lys Val Leu Ile Val Met Leu Leu Phe Ala Gly Val Asp Gly His 370 375 380	1152
acc cac gtg aca ggg gga agg gta gcc tcc agc acc cag agc ctc gtg Thr His Val Thr Gly Gly Arg Val Ala Ser Ser Thr Gln Ser Leu Val 385 390 395 400	1200

tcc tgg ctc tca caa ggg cca tct cag aaa atc caa ctc gtg aac acc	1248
Ser Trp Leu Ser Gln Gly Pro Ser Gln Lys Ile Gln Leu Val Asn Thr	
405 410 415	
aac ggc agc tgg cac atc aac agg acc gct ctg aat tgc aat gac tcc	1296
Asn Gly Ser Trp His Ile Asn Arg Thr Ala Leu Asn Cys Asn Asp Ser	
420 425 430	
ctc caa act ggg ttc att gct gcg ctg ttc tac gca cac agg ttc aac	1344
Leu Gln Thr Gly Phe Ile Ala Ala Leu Phe Tyr Ala His Arg Phe Asn	
435 440 445	
gcg tcc gga tgt cca gag cgc atg gcc agc tgc cgc ccc atc gac aag	1392
Ala Ser Gly Cys Pro Glu Arg Met Ala Ser Cys Arg Pro Ile Asp Lys	
450 455 460	
ttc gct cag ggg tgg ggt ccc atc act cac gtt gtg cct aac atc tcg	1440
Phe Ala Gln Gly Trp Gly Pro Ile Thr His Val Val Pro Asn Ile Ser	
465 470 475 480	
gac cag agg cct tat tgc tgg cac tat gca ccc caa ccg tgc ggt att	1488
Asp Gln Arg Pro Tyr Cys Trp His Tyr Ala Pro Gln Pro Cys Gly Ile	
485 490 495	
gta ccc gcg tcg cag gtg tgt ggc cca gtg tat tgc ttc acc ccg agt	1536
Val Pro Ala Ser Gln Val Cys Gly Pro Val Tyr Cys Phe Thr Pro Ser	
500 505 510	
cct gtt gtg gtg ggg acg acc gac cgt tcc gga gtc ccc acg tat agc	1584
Pro Val Val Val Gly Thr Thr Asp Arg Ser Gly Val Pro Thr Tyr Ser	
515 520 525	
tgg ggg gag aat gag aca gac gtg ctg cta ctc aac aac acg cgg ccg	1632
Trp Gly Glu Asn Glu Thr Asp Val Leu Leu Leu Asn Asn Thr Arg Pro	
530 535 540	
ccg caa ggc aac tgg ttc ggc tgt aca tgg atg aat agc acc ggg ttc	1680
Pro Gln Gly Asn Trp Phe Gly Cys Thr Trp Met Asn Ser Thr Gly Phe	
545 550 555 560	
acc aag acg tgc ggg ggc ccc ccg tgt aac atc ggg ggg gtt ggc aac	1728
Thr Lys Thr Cys Gly Gly Pro Pro Cys Asn Ile Gly Gly Val Gly Asn	
565 570 575	
aac acc ttg att tgc ccc acg gat tgc ttc cga aag cac ccc gag gcc	1776
Asn Thr Leu Ile Cys Pro Thr Asp Cys Phe Arg Lys His Pro Glu Ala	
580 585 590	
act tac acc aaa tgc ggc tcg ggt cct tgg ttg aca cct agg tgt cta	1824
Thr Tyr Thr Lys Cys Gly Ser Gly Pro Trp Leu Thr Pro Arg Cys Leu	
595 600 605	
gtt gac tac cca tac aga ctt tgg cac tac ccc tgc act atc aat ttt	1872
Val Asp Tyr Pro Tyr Arg Leu Trp His Tyr Pro Cys Thr Ile Asn Phe	
610 615 620	
acc atc ttc aag gtc agg atg tac gtg ggg ggc gtg gag cac agg ctc	1920
Thr Ile Phe Lys Val Arg Met Tyr Val Gly Gly Val Glu His Arg Leu	
625 630 635 640	

aac gcc gcg tgc aat tgg acc cga gga gag cgc tgt gac ctg gag gac 1968  
 Asn Ala Ala Cys Asn Trp Thr Arg Gly Glu Arg Cys Asp Leu Glu Asp  
 645 650 655  
 agg gat aga tca gag ctt agc ccg ctg cta ttg tct aca acg gag tgg 2016  
 Arg Asp Arg Ser Glu Leu Ser Pro Leu Leu Leu Ser Thr Thr Glu Trp  
 660 665 670  
 cag gta ctg ccc tgt tcc ttt acc acc cta ccg gct ctg tcc act gga 2064  
 Gln Val Leu Pro Cys Ser Phe Thr Thr Leu Pro Ala Leu Ser Thr Gly  
 675 680 685  
 ttg atc cac ctc cat cag aat atc gtg gac gtg caa tac ctg tac ggt 2112  
 Leu Ile His Leu His Gln Asn Ile Val Asp Val Gln Tyr Leu Tyr Gly  
 690 695 700  
 gta ggg tca gtg gtt gtc tcc gtc gta atc aaa tgg gag tat gtt ctg 2160  
 Val Gly Ser Val Val Val Ser Val Val Ile Lys Trp Glu Tyr Val Leu  
 705 710 715 720  
 ctg ctc ttc ctt ctc ctg gcg gac gcg cgc gtc tgt gcc tgc ttg tgg 2208  
 Leu Leu Phe Leu Leu Leu Ala Asp Ala Arg Val Cys Ala Cys Leu Trp  
 725 730 735  
 atg atg ctg ctg ata gcc cag gct gag gcc tga 2241  
 Met Met Leu Leu Ile Ala Gln Ala Glu Ala  
 740 745

<210> 8

<211> 746

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> séquence codant pour CE1E2

<400> 8

Met Ser Thr Asn Pro Lys Pro Gln Arg Lys Thr Lys Arg Asn Thr Asn  
 1 5 10 15  
 Arg Arg Pro Gln Asp Val Lys Phe Pro Gly Gly Gly Gln Ile Val Gly  
 20 25 30  
 Gly Val Tyr Leu Leu Pro Arg Arg Gly Pro Arg Leu Gly Val Arg Ala  
 35 40 45  
 Thr Arg Lys Thr Ser Glu Arg Ser Gln Pro Arg Gly Arg Arg Gln Pro  
 50 55 60  
 Ile Pro Lys Ala Arg Arg Pro Glu Gly Arg Thr Trp Ala Gln Pro Gly  
 65 70 75 80  
 Tyr Pro Trp Pro Leu Tyr Gly Asn Glu Gly Met Gly Trp Ala Gly Trp  
 85 90 95  
 Leu Leu Ser Pro Arg Gly Ser Arg Pro Ser Trp Gly Pro Thr Asp Pro  
 100 105 110

Arg Arg Arg Ser Arg Asn Leu Gly Lys Val Ile Asp Thr Leu Thr Cys  
 115 120 125  
 Gly Phe Ala Asp Leu Met Gly Tyr Ile Pro Leu Val Gly Ala Pro Leu  
 130 135 140  
 Gly Gly Ala Ala Arg Ala Leu Ala His Gly Val Arg Val Leu Glu Asp  
 145 150 155 160  
 Gly Val Asn Tyr Ala Thr Gly Asn Leu Pro Gly Cys Ser Phe Ser Ile  
 165 170 175  
 Phe Leu Leu Ala Leu Leu Ser Cys Leu Thr Ile Pro Ala Ser Ala Tyr  
 180 185 190  
 Glu Val Arg Asn Val Ser Gly Ile Tyr His Val Thr Asn Asp Cys Ser  
 195 200 205  
 Asn Ser Ser Ile Val Tyr Glu Ala Ala Asp Met Ile Met His Thr Pro  
 210 215 220  
 Gly Cys Val Pro Cys Val Arg Glu Ser Asn Phe Ser Arg Cys Trp Val  
 225 230 235 240  
 Ala Leu Thr Pro Thr Leu Ala Ala Arg Asn Ser Ser Ile Pro Thr Thr  
 245 250 255  
 Thr Ile Arg Arg His Val Asp Leu Leu Val Gly Ala Ala Ala Leu Cys  
 260 265 270  
 Ser Ala Met Tyr Val Gly Asp Leu Cys Gly Ser Val Phe Leu Val Ser  
 275 280 285  
 Gln Leu Phe Thr Phe Ser Pro Arg Arg Tyr Glu Thr Val Gln Asp Cys  
 290 295 300  
 Asn Cys Ser Ile Tyr Pro Gly His Val Ser Gly His Arg Met Ala Trp  
 305 310 315 320  
 Asp Met Met Met Asn Trp Ser Pro Thr Thr Ala Leu Val Val Ser Gln  
 325 330 335  
 Leu Leu Arg Ile Pro Gln Ala Val Val Asp Met Val Ala Gly Ala His  
 340 345 350  
 Trp Gly Val Leu Ala Gly Leu Ala Tyr Tyr Ser Met Val Gly Asn Trp  
 355 360 365  
 Ala Lys Val Leu Ile Val Met Leu Leu Phe Ala Gly Val Asp Gly His  
 370 375 380  
 Thr His Val Thr Gly Gly Arg Val Ala Ser Ser Thr Gln Ser Leu Val  
 385 390 395 400  
 Ser Trp Leu Ser Gln Gly Pro Ser Gln Lys Ile Gln Leu Val Asn Thr  
 405 410 415  
 Asn Gly Ser Trp His Ile Asn Arg Thr Ala Leu Asn Cys Asn Asp Ser  
 420 425 430

Leu Gln Thr Gly Phe Ile Ala Ala Leu Phe Tyr Ala His Arg Phe Asn  
 435 440 445  
 Ala Ser Gly Cys Pro Glu Arg Met Ala Ser Cys Arg Pro Ile Asp Lys  
 450 455 460  
 Phe Ala Gln Gly Trp Gly Pro Ile Thr His Val Val Pro Asn Ile Ser  
 465 470 475 480  
 Asp Gln Arg Pro Tyr Cys Trp His Tyr Ala Pro Gln Pro Cys Gly Ile  
 485 490 495  
 Val Pro Ala Ser Gln Val Cys Gly Pro Val Tyr Cys Phe Thr Pro Ser  
 500 505 510  
 Pro Val Val Val Gly Thr Thr Asp Arg Ser Gly Val Pro Thr Tyr Ser  
 515 520 525  
 Trp Gly Glu Asn Glu Thr Asp Val Leu Leu Leu Asn Asn Thr Arg Pro  
 530 535 540  
 Pro Gln Gly Asn Trp Phe Gly Cys Thr Trp Met Asn Ser Thr Gly Phe  
 545 550 555 560  
 Thr Lys Thr Cys Gly Gly Pro Pro Cys Asn Ile Gly Gly Val Gly Asn  
 565 570 575  
 Asn Thr Leu Ile Cys Pro Thr Asp Cys Phe Arg Lys His Pro Glu Ala  
 580 585 590  
 Thr Tyr Thr Lys Cys Gly Ser Gly Pro Trp Leu Thr Pro Arg Cys Leu  
 595 600 605  
 Val Asp Tyr Pro Tyr Arg Leu Trp His Tyr Pro Cys Thr Ile Asn Phe  
 610 615 620  
 Thr Ile Phe Lys Val Arg Met Tyr Val Gly Gly Val Glu His Arg Leu  
 625 630 635 640  
 Asn Ala Ala Cys Asn Trp Thr Arg Gly Glu Arg Cys Asp Leu Glu Asp  
 645 650 655  
 Arg Asp Arg Ser Glu Leu Ser Pro Leu Leu Leu Ser Thr Thr Glu Trp  
 660 665 670  
 Gln Val Leu Pro Cys Ser Phe Thr Thr Leu Pro Ala Leu Ser Thr Gly  
 675 680 685  
 Leu Ile His Leu His Gln Asn Ile Val Asp Val Gln Tyr Leu Tyr Gly  
 690 695 700  
 Val Gly Ser Val Val Val Ser Val Val Ile Lys Trp Glu Tyr Val Leu  
 705 710 715 720  
 Leu Leu Phe Leu Leu Leu Ala Asp Ala Arg Val Cys Ala Cys Leu Trp  
 725 730 735  
 Met Met Leu Leu Ile Ala Gln Ala Glu Ala  
 740 745



<210> 9  
 <211> 29  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorce oIV166

<400> 9  
 ggggggggcta tggcgctat cacggccta

29

<210> 10  
 <211> 32  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorce oIV171

<400> 10  
 ggggggacgc gtttagcatg gcgtggagca gt

32

<210> 11  
 <211> 30  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorce oIV232

<400> 11  
 gggggggagat ctccagcagg cagaagtatg

30

<210> 12  
 <211> 33  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorceoIV233

<400> 12  
 ggggggggtcg accgaaaatg gatatacaag etc

33

<210> 13  
 <211> 35  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorce oIV212

<400> 13  
 ggggggtcta gaatgtcaat gtcctacaca tggac

35

<210> 14  
 <211> 32  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorce oIV218

<400> 14  
 ggggggtcta gattaccggt tggggagcag gt 32

<210> 15  
 <211> 32  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorce oIV225

<400> 15  
 ggggggctgc agatggcgcc tatcacggc ta 32

<210> 16  
 <211> 32  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorce oIV226

<400> 16  
 ggggggtcta gattagcatg gcgtggagca gt 32

<210> 17  
 <211> 35  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorce oIV227

<400> 17  
 gggggggtcg acatgtcaat gtcctacaca tggac 35

<210> 18  
 <211> 32  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorce oIV228

<400> 18  
 gggggggcat gcttaccggt tggggagcag gt 32

<210> 19  
 <211> 33  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorce oIV229

<400> 19  
 ggggggtcta gaccggtagt tcgcatatac ata

33

<210> 20  
 <211> 33  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorce oIV172

<400> 20  
 ggggggggta ccatgtccgg ctcgtggcta agg

33

<210> 21  
 <211> 33  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorce oIV173

<400> 21  
 ggggggtcta gattagcagc agacgatgtc gtc

33

<210> 22  
 <211> 33  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorce oIV62

<400> 22  
 ggggggggcta gcatgagcac aaatcctaaa cct

33

<210> 23  
 <211> 33  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> amorce oIV68

<400> 23  
 ggggggtcta gatcaggcct cagcctgggc tat

33

<210> 24  
 <211> 10  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> épitope GLL

<400> 24

Gly Leu Leu Gly Cys Ile Ile Thr Ser Leu  
 1 5 10

<210> 25  
 <211> 9  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> épitope ALY

<400> 25

Ala Leu Tyr Asp Val Val Ser Thr Leu  
 1 5

<210> 26  
 <211> 9  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> épitope KLQ

<400> 26

Lys Leu Gln Asp Cys Thr Met Leu Val  
 1 5

<210> 27  
 <211> 9  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence

<220>  
 <223> épitope DLM

<400> 27

Asp Leu Met Gly Tyr Ile Pro Leu Val  
 1 5



# RAPPORT DE RECHERCHE

articles L.612-14, L.612-17 et R.612-53 à 69 du code de la propriété intellectuelle

## OBJET DU RAPPORT DE RECHERCHE

---

Après l'accomplissement de la procédure prévue par les textes rappelés ci-dessus, le brevet est délivré. L'Institut National de la Propriété Industrielle n'est pas habilité, sauf dans le cas d'absence **manifeste** de nouveauté, à en refuser la délivrance. La validité d'un brevet relève exclusivement de l'appréciation des tribunaux.

L'I.N.P.I. doit toutefois annexer à chaque brevet un "RAPPORT DE RECHERCHE" citant les éléments de l'état de la technique qui peuvent être pris en considération pour apprécier la brevetabilité de l'invention. Ce rapport porte sur les revendications figurant au brevet qui définissent l'objet de l'invention et délimitent l'étendue de la protection.

Après délivrance, l'I.N.P.I. peut, à la requête de toute personne intéressée, formuler un "AVIS DOCUMENTAIRE" sur la base des documents cités dans ce rapport de recherche et de tout autre document que le requérant souhaite voir prendre en considération.

## CONDITIONS D'ÉTABLISSEMENT DU PRÉSENT RAPPORT DE RECHERCHE

---

- ☒ Le demandeur a présenté des observations en réponse au rapport de recherche préliminaire.
- ☒ Le demandeur a maintenu les revendications.
- ☐ Le demandeur a modifié les revendications.
- ☐ Le demandeur a modifié la description pour en éliminer les éléments qui n' étaient plus en concordance avec les nouvelles revendications.
- ☐ Les tiers ont présenté des observations après publication du rapport de recherche préliminaire.
- ☐ Un rapport de recherche préliminaire complémentaire a été établi.

## DOCUMENTS CITÉS DANS LE PRÉSENT RAPPORT DE RECHERCHE

---

La répartition des documents entre les rubriques 1, 2 et 3 tient compte, le cas échéant, des revendications déposées en dernier lieu et/ou des observations présentées.

- ☒ Les documents énumérés à la rubrique 1 ci-après sont susceptibles d'être pris en considération pour apprécier la brevetabilité de l'invention.
- ☐ Les documents énumérés à la rubrique 2 ci-après illustrent l'arrière-plan technologique général.
- ☐ Les documents énumérés à la rubrique 3 ci-après ont été cités en cours de procédure, mais leur pertinence dépend de la validité des priorités revendiquées.
- ☐ Aucun document n'a été cité en cours de procédure.



N° d'enregistrement national : 03 06772

N° de publication :

1.ELEMENTS DE L'ETAT DE LA TECHNIQUE SUSCEPTIBLES D'ETRE PRIS EN CONSIDERATION POUR APPRECIER LA BREVETABILITE DE L'INVENTION	
Référence des documents (avec indication, le cas échéant, des parties pertinentes)	Revendications du brevet concernées
WO 01/30812 A (CHIRON CORP ; PALIARD XAVIER (US); SELBY MARK (US); HOUGHTON MICHAEL () 3 mai 2001 (2001-05-03) * page 15, ligne 5 - ligne 30; revendications 2,3,15,41,42 * * page 21, ligne 7 - ligne 17 * * page 24, ligne 21 - page 25, ligne 30 *	1,2,6,7,11-17
US 6 312 889 B1 (CHOO QUI-LIM ET AL) 6 novembre 2001 (2001-11-06) * le document en entier *	1
CHO J H ET AL: "Enhanced cellular immunity to hepatitis C virus nonstructural proteins by codelivery of granulocyte macrophage-colony stimulating factor gene in intramuscular DNA immunization" VACCINE, BUTTERWORTH SCIENTIFIC. GUILDFORD, GB, vol. 17, no. 9-10, 5 mars 1999 (1999-03-05), pages 1136-1144, XP004158236 ISSN: 0264-410X * le document en entier *	1
CLARKE B: "Molecular virology of hepatitis C virus" JOURNAL OF GENERAL VIROLOGY, SOCIETY FOR GENERAL MICROBIOLOGY, READING, GB, vol. 78, no. 10, 1997, pages 2397-2410, XP002172331 ISSN: 0022-1317 * le document en entier *	1
2.ELEMENTS DE L'ETAT DE LA TECHNIQUE ILLUSTRANT L'ARRIERE-PLAN TECHNOLOGIQUE GENERAL	
NEANT	
3. ELEMENTS DE L'ETAT DE LA TECHNIQUE DONT LA PERTINENCE DEPEND DE LA VALIDITE DES PRIORITES	
Référence des documents (avec indication, le cas échéant, des parties pertinentes)	Revendications du brevet concernées
NEANT	



26 bis, rue de Saint Pétersbourg - 75800 Paris Cedex 08

Pour vous informer : INPI DIRECT

► N° Indigo 0 825 83 85 87  
0,15 € TTC/mm

Télécopie : 33 (0)1 53 04 52 65

## BREVET D'INVENTION

### CERTIFICAT D'UTILITÉ

Code de la propriété intellectuelle - Livre VI

cerfa  
N° 11235\*03

**DÉSIGNATION D'INVENTEUR(S)** Page N° 1.../2..

(À fournir dans le cas où les demandeurs et les inventeurs ne sont pas les mêmes personnes)

Cet imprimé est à remplir lisiblement à l'encre noire

08 113 @ W / 210103



<b>Vos références pour ce dossier (facultatif)</b>		ADENOVIR
<b>N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL</b>		0306772
<b>TITRE DE L'INVENTION</b> (200 caractères ou espaces maximum) Composition comprenant la polyprotéine NS3/NS4 et le polypeptide NS5b du VHC, vecteurs d'expression incluant les séquences nucléiques correspondantes et leur utilisation en thérapeutique		
<b>LE(S) DEMANDEUR(S) :</b> - bioMérieux - Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale (I.N.S.E.R.M.)		
<b>DESIGNE(NT) EN TANT QU'INVENTEUR(S) :</b>		
<b>1</b>	Nom	FOURNILLIER
	Prénoms	Anne
Adresse	Rue	6 rue P. Sisley
	Code postal et ville	69003 LYON - FRANCE
Société d'appartenance (facultatif)		
<b>2</b>	Nom	INCHAUPE
	Prénoms	Geneviève
Adresse	Rue	4 rue Villon
	Code postal et ville	69003 LYON - FRANCE
Société d'appartenance (facultatif)		
<b>3</b>	Nom	ABRAHAM
	Prénoms	Jean-Daniel
Adresse	Rue	11 rue d'Entzheim
	Code postal et ville	67120 STRASBOURG - FRANCE
Société d'appartenance (facultatif)		
S'il y a plus de trois inventeurs, utilisez plusieurs formulaires. Indiquez en haut à droite le N° de la page suivi du nombre de pages.		
<b>DATE ET SIGNATURE(S) DU (DES) DEMANDEUR(S) OU DU MANDATAIRE (Nom et qualité du signataire)</b>  Marcy l'Etoile, le 5 juin 2003 Valérie BITAUD Ingénieur Brevets  		